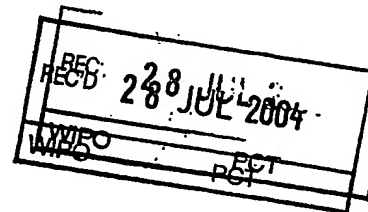


**PRIORITY
DOCUMENT**

SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)



**Prioritätsbescheinigung über die Einreichung
einer Patentanmeldung**

Aktenzeichen:

103 30 234.4

Anmeldetag:

04. Juli 2003

Anmelder/Inhaber:

Bayer CropScience AG, 40789 Monheim/DE

Bezeichnung:

Verfahren zum Identifizieren von fungizid wirksamen
Verbindungen basierend auf Mevalonat Kinasen aus
Pilzen

IPC:

C 12 Q 1/48

Die angehefteten Stücke sind eine richtige und genaue Wiedergabe der ur-
sprünglichen Unterlagen dieser Patentanmeldung.

München, den 19. April 2004
Deutsches Patent- und Markenamt

Der Präsident

Im Auftrag

Faust

Verfahren zum Identifizieren von fungizid wirksamen Verbindungen basierend auf Mevalonat Kinasen aus Pilzen

5 Die Erfindung bezieht sich auf ein Verfahren zum Identifizieren von Fungiziden, die Verwendung von Mevalonate Kinase zum Identifizieren von Fungiziden, und die Verwendung von Inhibitoren der Mevalonate Kinase als Fungizide.

10 Unerwünschtes Pilzwachstum, das in der Landwirtschaft jedes Jahr zu beträchtlichen Schäden führt, kann durch die Verwendung von Fungiziden kontrolliert werden. Die Ansprüche an Fungizide sind dabei hinsichtlich ihrer Wirksamkeit, Kosten und vor allem ihrer Umweltverträglichkeit stetig angestiegen. Es existiert deshalb ein Bedarf an neuen Substanzen bzw. Substanzklassen, die zu leistungsfähigen und umweltverträglichen neuen Fungiziden entwickelt werden können. Im Allgemeinen ist es
15 üblich, in Gewächshaustests nach solchen neuen Leitstrukturen zu suchen. Solche Tests sind jedoch arbeitsintensiv und teuer. Die Anzahl der Substanzen, die im Gewächshaus getestet werden können, ist entsprechend begrenzt. Eine Alternative zu solchen Tests ist die Verwendung von sogenannten Hochdurchsatzverfahren (HTS = high throughput screening). Dabei werden in einem automatisierten Verfahren eine
20 große Anzahl von Einzelsubstanzen hinsichtlich ihrer Wirkung auf Zellen, individuelle Genprodukte oder Gene getestet. Wird für bestimmte Substanzen eine Wirkung nachgewiesen, so können diese in herkömmlichen Screeningverfahren untersucht und gegebenenfalls weiter entwickelt werden.

25 Vorteilhafte Angriffspunkte für Fungizide werden oft in essentiellen Biosynthesewegen gesucht. Ideale Fungizide sind weiterhin solche Stoffe, die Genprodukte hemmen, die eine entscheidende Bedeutung bei der Ausprägung der Pathogenität eines Pilzes haben.

Aufgabe der vorliegenden Erfindung war es, einen geeigneten neuen Angriffspunkt für potentielle fungizide Wirkstoffe zu identifizieren und zugänglich zu machen, und darauf basierend ein Verfahren zur Verfügung zu stellen, das die Identifizierung von Modulatoren dieses Angriffspunkts ermöglicht, um damit die Identifizierung neuer Fungizide zu ermöglichen.

5

Abbildungen und Sequenzprotokoll

5 Abbildung 1: Die Mevalonat Kinase katalysiert die Reaktion von (R)-Mevalonat und Adenosintriphosphat zu (R)-5-Phosphomevalonat und Adenosindiphosphat.

10 Abbildung 2: Homologie zwischen Mevalonat Kinasen aus verschiedenen Pilzen: (1) *Saccharomyces cerevisiae*, (2) *Schizosaccharomyces pombe*, (3) *Ustilago maydis*, (4) *Neurospora crassa*, (5) *Magnaporthe grisea*. Rahmen geben Bereiche mit einer genau übereinstimmenden Sequenz wieder (Konsensussequenz).

15 Abbildung 3: Heterologe Expression der Mevalonat Kinase in *E. coli* BL21 (DE3). Das überexprimierte GST-Fusionsprotein hat eine Größe von 74,5 kDa. In den Spuren M wurden Größenstandards aufgetragen. Spur 1: Pelletfraktion; Spur 2: Cytoplasmafraktion der überexprimierten Mevalonat Kinase (3 Stunden Induktion mit 100mM IPTG bei 30⁰ C); Spur 3: Waschfraktion nach dem Auftragen der Cytoplasmafraktion auf die Glutathion-Sepharose Säule; Spur 4: Elutionsfraktion mit angereinigter Mevalonat Kinase.

20
25 Abbildung 4: Kinetik der Umsetzung von Mevalonat und Adenosintriphosphat durch unterschiedliche Konzentrationen an Mevalonat Kinase im Assay. In einem Assayvolumen von 50 µl wurden 300 µM Adenosintriphosphat, 500 µM Mevalonat, 300 µM NADH, 400µM Phosphoenolpyruvat, 0,2 U Pyruvat Kinase und 0,4 U Laktat Dehydrogenase sowie unterschiedliche Mengen an Mevalonat Kinase eingesetzt. Die verwendeten Proteinkonzentrationen der Mevalonat Kinase sind der Abbildung zu entnehmen. Die Umsetzung des Mevalonat wurde anhand der gekoppelten Reaktion mit der Pyruvat Kinase und Laktat Dehydrogenase verfolgt. Dabei wird

30

die Umsetzung des ATP mittels Mevalonat durch die gekoppelte Absorptionsabnahme bei 340 nm (Abnahme des NADH in gekoppelter Reaktion) verfolgt.

- 5 **SEQ ID NO:1** Nukleinsäuresequenz kodierend für die Mevalonat Kinase aus *Ustilago maydis*. Die angegebene Sequenz entspricht der genomischen DNA.

SEQ ID NO: 2 Aminosäuresequenz der Mevalonat Kinase aus *Ustilago maydis*.

Definitionen

Unter dem Begriff "Homologie" bzw. "Identität" soll die Anzahl der übereinstimmenden Aminosäuren (Identität) mit anderen Proteinen, ausgedrückt in Prozent verstanden werden. Bevorzugt wird die Identität durch Vergleiche einer gegebenen Sequenz zu anderen Proteinen mit Hilfe von Computerprogrammen ermittelt. Weisen Sequenzen, die miteinander verglichen werden, unterschiedliche Längen auf, ist die Identität so zu ermitteln, dass die Anzahl an Aminosäuren, welche die kürzere Sequenz mit der längeren Sequenz gemeinsam hat, den prozentualen Anteil der Identität bestimmt. Die Identität kann standardmäßig mittels bekannten und der Öffentlichkeit zur Verfügung stehenden Computerprogrammen wie z.B. ClustalW (Thompson et al., *Nucleic Acids Research* 22 (1994), 4673-4680) ermittelt werden. ClustalW wird z.B. öffentlich zur Verfügung gestellt von Julie Thompson (Thompson@EMBL-Heidelberg.DE) und Toby Gibson (Gibson@EMBL-Heidelberg.DE), European Molecular Biology Laboratory, Meyerhofstrasse 1, D 69117 Heidelberg, Germany. ClustalW kann ebenfalls von verschiedenen Internetseiten, u.a. beim IGBMC (Institut de Génétique et de Biologie Moléculaire et Cellulaire, B.P.163, 67404 Illkirch Cedex, France; <ftp://ftp-igbmc.u-strasbg.fr/pub/>) und beim EBI (<ftp://ftp.ebi.ac.uk/pub/software/>) sowie bei allen gespiegelten Internetseiten des EBI (European Bioinformatics Institute, Wellcome Trust Genome Campus, Hinxton, Cambridge CB10 1SD, UK), heruntergeladen werden. Wenn das ClustalW Computerprogramm der Version 1.8 benutzt wird, um die Identität zwischen z.B. einem gegebenen Referenzprotein und anderen Proteinen zu bestimmen, sind folgende Parameter einzustellen: KTUPLE=1, TOPDIAG=5, WINDOW=5, PAIRGAP=3, GAPOPEN=10, GAPEXTEND=0.05, GAPDIST=8, MAXDIV=40, MATRIX=GONNET, ENDGAPS(OFF), NOPGAP, NOHGAP. Eine Möglichkeit zum Auffinden von ähnlichen Sequenzen ist die Durchführung von Sequenzdatenbankrecherchen. Hierbei wird eine oder werden mehrere Sequenzen als sogenannte Abfrage ("query") vorgegeben. Diese Abfragesequenz wird dann mittels statistischen Computerprogrammen mit Sequenzen, die in den ausgewählten Datenbanken enthalten sind, verglichen. Solche Datenbankabfragen ("blast

searches") sind dem Fachmann bekannt und können bei verschiedenen Anbietern durchgeführt werden. Wird eine solche Datenbankabfrage z.B. beim NCBI (National Center for Biotechnology Information, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) durchgeführt, so sollen die Standardeinstellungen, die für die jeweilige Vergleichsanfrage vorgegeben sind, benutzt werden. Für Proteinsequenzvergleiche ("blastp") sind dieses folgende Einstellungen: Limit entrez = nicht aktiviert; Filter = low complexity aktiviert; Expect value = 10; word size = 3; Matrix = BLOSUM62; Gap costs: Existence = 11, Extension = 1. Als Ergebnis einer solchen Abfrage werden neben anderen Parametern auch der Anteil an Identität zwischen der Abfragesequenz und den in den Datenbanken aufgefundenen ähnlichen Sequenzen dargestellt. Unter einem erfindungsgemäßen Protein sollen daher im Zusammenhang mit der vorliegenden Erfindung solche Proteine verstanden werden, die bei der Verwendung mindestens einer der vorstehend beschriebenen Methoden zur Identitätsbestimmung eine Identität von mindestens 50 % aufweisen, bevorzugt von mindestens 60%, besonders bevorzugt von mindestens 70 %, weiter bevorzugt von mindestens 80%, und insbesondere von mindestens 90 %.

Der Ausdruck "vollständige Mevalonat Kinase" wie er hierin verwendet wird, beschreibt eine Mevalonat Kinase, die von einer vollständigen kodierenden Region einer Transkriptionseinheit kodiert wird, umfassend das ATG-Startcodon und alle informationstragenden Exonbereiche des im Herkunftsorganismus vorliegenden, für Mevalonat Kinase kodierenden Gens, sowie die für eine korrekte Termination der Transkription nötigen Signale.

Der Ausdruck "biologische Aktivität einer Mevalonat Kinase" wie er hierin verwendet wird, bezieht sich auf die Fähigkeit eines Polypeptids, die vorstehend beschriebene Reaktion, d.h. die Umsetzung von Mevalonat und Adenosintriphosphat zu Phosphomevalonat und Adenosindiphosphat zu katalysieren.

Der Ausdruck "aktives Fragment" wie er hierin verwendet wird, beschreibt nicht mehr vollständige Nukleinsäuren kodierend für Mevalonat Kinase, die aber noch für

Polypeptide mit der biologischen Aktivität einer Mevalonat Kinase kodieren, und die eine für die Mevalonat Kinase charakteristische Reaktion wie vorne beschrieben katalysieren können. Solche Fragmente sind kürzer als die oben beschriebenen vollständigen, für die Mevalonat Kinase kodierenden Nukleinsäuren. Dabei können sowohl an den 3'- und/oder 5'-Enden der Sequenz Nukleinsäuren entfernt worden sein, es können aber auch Teile der Sequenz deletiert, d.h. entfernt worden sein, die die biologische Aktivität der Mevalonat Kinase nicht entscheidend beeinträchtigen. Eine geringere oder gegebenenfalls auch eine erhöhte Aktivität, die aber noch die Charakterisierung bzw. Verwendung des resultierenden Mevalonat Kinase Fragments gestattet, wird dabei als ausreichend im Sinne des hier verwendeten Ausdrucks verstanden. Der Ausdruck "aktives Fragment" kann sich ebenso auf die Aminosäuresequenz der Mevalonat Kinase beziehen und gilt dann analog den obigen Ausführungen für solche Polypeptide, die im Vergleich zur oben definierten vollständigen Sequenz bestimmte Teile nicht mehr enthalten, wobei die biologische Aktivität des Enzyms jedoch nicht entscheidend beeinträchtigt ist. Die Fragmente können dabei verschiedene Längen besitzen.

Der Begriff "Mevalonat Kinase Hemmtest" oder "Hemmtest", wie er hierin verwendet wird, bezieht sich auf ein Verfahren bzw. einen Test, der es gestattet, die Inhibition der enzymatischen Aktivität eines Polypeptids mit der Aktivität einer Mevalonat Kinase durch eine oder mehrere chemische Verbindungen (Kandidatenverbindung(en)) zu erkennen, wodurch die chemische Verbindung als Inhibitor der Mevalonat Kinase identifiziert werden kann.

Der Ausdruck "Gen", wie er hierin verwendet wird, ist die Bezeichnung für einen Abschnitt aus dem Genom einer Zelle, der für die Synthese einer Polypeptid-Kette verantwortlich ist.

Der Ausdruck "Fungizid" bzw. "fungizid" wie er hierin verwendet wird, bezieht sich auf chemische Verbindungen, die zur Bekämpfung von Pilzen, insbesondere von

pflanzenpathogenen Pilzen geeignet sind. Solche pflanzenpathogene Pilze werden nachfolgend genannt, wobei die Aufzählung nicht abschließend ist:

5 Plasmodiophoromycetes, Oomycetes, Chytridiomycetes, Zygomycetes, Ascomycetes, Basidiomycetes und Deuteromycetes, z.B.

10 Pythium-Arten, wie beispielsweise *Pythium ultimum*, Phytophthora-Arten, wie beispielsweise *Phytophthora infestans*, Pseudoperonospora-Arten, wie beispielsweise *Pseudoperonospora humuli* oder *Pseudoperonospora cubensis*, Plasmopara-Arten, wie beispielsweise *Plasmopara viticola*, Bremia-Arten, wie beispielsweise *Bremia lactucae*, Peronospora-Arten, wie beispielsweise *Peronospora pisi* oder *P. brassicae*, Erysiphe-Arten, wie beispielsweise *Erysiphe graminis*, Sphaerotheca-Arten, wie beispielsweise *Sphaerotheca fuliginea*, Podosphaera-Arten, wie beispielsweise *Podosphaera leucotricha*, Venturia-Arten, wie beispielsweise *Venturia inaequalis*,
 15 Pyrenophora-Arten, wie beispielsweise *Pyrenophora teres* oder *P. graminea* (Konidienform: Drechslera, Syn: Helminthosporium), Cochliobolus-Arten, wie beispielsweise *Cochliobolus sativus* (Konidienform: Drechslera, Syn: Helminthosporium), Uromyces-Arten, wie beispielsweise *Uromyces appendiculatus*, Puccinia-Arten, wie beispielsweise *Puccinia recondita*, Sclerotinia-Arten, wie beispielsweise *Sclerotinia sclerotiorum*, Tilletia-Arten, wie beispielsweise *Tilletia caries*; Ustilago-Arten, wie beispielsweise *Ustilago nuda* oder *Ustilago avenae*, Pellicularia-Arten, wie beispielsweise *Pellicularia sasakii*, Pyricularia-Arten, wie beispielsweise *Pyricularia oryzae*, Fusarium-Arten, wie beispielsweise *Fusarium culmorum*, Botrytis-Arten, Septoria-Arten, wie beispielsweise *Septoria nodorum*, Leptosphaeria-Arten, wie
 20 beispielsweise *Leptosphaeria nodorum*, Cercospora-Arten, wie beispielsweise *Cercospora canescens*, Alternaria-Arten, wie beispielsweise *Alternaria brassicae* oder Pseudocercospora-Arten, wie beispielsweise *Pseudocercospora herpotrichoides*.

30 Von besonderem Interesse sind z.B. auch *Magnaporthe grisea*, *Cochliobolus heterostrophus*, *Nectria hematococcus* and *Phytophthora species*.

Fungizide Wirkstoffe, die mit Hilfe der erfindungsgemäßen Mevalonat Kinase gefunden werden, können aber auch mit Mevalonat Kinasen aus humanpathogenen Pilzspezies interagieren, wobei die Interaktion mit den unterschiedlichen in diesen Pilzen vorkommenden Mevalonat Kinasen nicht immer gleich stark sein muss.

5

Gegenstand der vorliegenden Erfindungen ist deshalb auch ein Verfahren zum Identifizieren von Antimykotika, d.h. von Inhibitoren der Mevalonat Kinase aus human- oder tierpathogenen Pilzen, die zum Herstellen von Mitteln zur Behandlung von durch human- oder tierpathogene Pilze hervorgerufenen Erkrankungen verwendet werden können.

10

Dabei sind die folgenden humanpathogenen Pilze von besonderem Interesse, die unter anderem die nachfolgend genannten Krankheitsbilder hervorrufen können:

15

Dermatophyten, wie z.B. *Trichophyton spec.*, *Microsporum spec.*, *Epidermophyton floccosum* oder *Keratomyces ajelloi*, die z.B. Fußmykosen (*Tinea pedis*) hervorrufen,

Hefen, wie z.B. *Candida albicans*, Soor-Ösophagitis und Dermatitis hervorruft, *Candida glabrata*, *Candida krusei* oder *Cryptococcus neoformans*, die z.B. pulmonale Cryptococcose und auch Torulose hervorrufen können,

20

Schimmelpilze, wie z.B. *Aspergillus fumigatus*, *A. flavus*, *A. niger*, die z.B. broncho-pulmonale Aspergillose oder Pilzsepsis hervorrufen, *Mucor spec.*, *Absidia spec.*, oder *Rhizopus spec.*, die z.B. Zygomykosen (intravasale Mykosen) hervorrufen, *Rhinosporidium seeberi*, der z.B. chronische granulomatöse Pharyngitis und Tracheitis hervorruft, *Madurella mycetomatis*, der z.B. subkutane Myzetome hervorruft, *Histoplasma capsulatum*, der z.B. retikuloendotheliale Zytomykose und M. Darling hervorruft, *Coccidioides immitis*, der z. B. pulmonale Coccidioidomykose und Sepsis hervorruft, *Paracoccidioides brasiliensis*, der z.B. brasilianische Blastomykose hervorruft, *Blastomyces dermatitidis*, der z.B. Gilchrist-Krankheit und nordamerikanische Blastomykose hervorruft, *Loboa lobo*, der z.B. Keloid-Blasto-

25

30

mykose und Lobo's Krankheit hervorruft, und *Sporothrix schenckii*, der z.B. Sporotrichose (granulomatöse Hautmykose) hervorruft.

5 Im Folgenden sollen die Begriffe "fungizid" bzw. "Fungizid" gleichermaßen für die Begriffe "antimykotisch" bzw. "Antimykotikum" als auch für die Begriffe "fungizid" bzw. "Fungizid" im herkömmlichen Sinne, d.h. bezogen auf pflanzenpathogene Pilze, verwendet werden.

10 Fungizide Wirkstoffe, die mit Hilfe einer aus einem bestimmten Pilz, hier z.B. aus *U. maydis*, gewonnenen Mevalonat Kinase gefunden werden, können also auch mit einer Mevalonat Kinase aus zahlreichen anderen Pilzspezies, gerade auch mit weiteren pflanzenpathogenen Pilzen interagieren, wobei die Interaktion mit den unterschiedlichen in diesen Pilzen vorkommenden Mevalonat Kinasen nicht immer gleich stark sein muss. Dies erklärt unter anderem die beobachtete Selektivität der an
15 diesem Enzym wirksamen Substanzen.

20 Der Ausdruck "Kompetitor" wie er hierin verwendet wird, bezieht sich auf die Eigenschaft der Verbindungen, mit anderen, gegebenenfalls zu identifizierenden Verbindungen um die Bindung an der Mevalonat Kinase zu kompetitieren und diese vom Enzym zu verdrängen bzw. von dieser verdrängt zu werden.

Der Ausdruck "Agonist", wie er hierin verwendet wird, bezieht sich auf ein Molekül, das die Aktivität der Mevalonat Kinase beschleunigt oder verstärkt.

25 Der Ausdruck "Antagonist", wie er hierin verwendet wird, bezieht sich auf ein Molekül, das die Aktivität der Mevalonat Kinase verlangsamt oder verhindert.

30 Der Ausdruck "Modulator", wie er hierin verwendet wird, stellt den Oberbegriff zu Agonist bzw. Antagonist dar. Modulatoren können kleine organisch-chemische Moleküle, Peptide oder Antikörper sein, die an die erfindungsgemäßen Polypeptide binden bzw. die deren Aktivität beeinflussen. Weiterhin können Modulatoren kleine

5 organisch-chemische Moleküle, Peptide oder Antikörper sein, die an ein Molekül binden, welches wiederum an die erfindungsgemäßen Polypeptide bindet, und dadurch deren biologische Aktivität beeinflusst. Modulatoren können natürliche Substrate und Liganden darstellen oder strukturelle oder funktionelle Mimetika davon. Bevorzugt handelt es sich beim Ausdruck "Modulator", wie er hierin verwendet wird, jedoch um solche Moleküle, die nicht die natürlichen Substrate bzw. Liganden darstellen.

Beschreibung der Erfindung

Die Mevalonat Kinase (EC 2.7.1.36), im Folgenden auch mit MK abgekürzt, katalysiert die Reaktion von Mevalonat und Adenosintriphosphat zu Phosphomevalonat und Adenosindiphosphat (Abbildung 1).

Die von der Mevalonat Kinase katalysierte Reaktion ist ein essentieller Schritt am Anfang der Biosynthese von Ergosterol-, Dolichol- oder Ubichinon (Lees et al., 1997, *Biochemistry and molecular biology of sterol synthesis in Saccharomyces cerevisiae. Biochemistry and Function of Sterols*, 85-99; Mercer, 1984, *The biosynthesis of ergosterol. Pestic. Sci.* 15(2), 133-55; Karst and Lacroute, 1977, *Ergosterol Biosynthesis in Saccharomyces cerevisiae. Mol.Gen.Genet.* 154, 269-277).

Gene kodierend für die Mevalonat Kinase wurden bereits in verschiedenen Pilzen identifiziert: aus den Hefen *Saccharomyces cerevisiae* (Swissprot Accession No.: X55875) und *Schizosaccharomyces pombe* (Swissprot Accession No.: AB000541), aus *Neurospora crassa* (Swissprot Accession No.: NCB11N2). Aus den pflanzenpathogenen Pilzen *Magnaporthe grisea* und *Fusarium sporotrichioides* sind Sequenzfragmente des für die Mevalonat Kinase kodierenden Gens bekannt. Daneben wurde die Mevalonat Kinase auch in zahlreichen anderen Organismen gefunden, so z.B. aus *Homo sapiens* (Swissprot: Accession No.: AK023087), *Mus musculus* (Swissprot: Accession No.: BC005606) oder *Oryza sativa* (Swissprot: Accession No.: AC091749).

Die Sequenzähnlichkeiten zwischen verschiedenen MKs sind innerhalb der eukaryontischen Klassen signifikant, während hingegen die Sequenzidentität zu den bakteriellen Enzymen weniger signifikant ist.

Die Mevalonat Kinase wurde aus verschiedenen Organismen isoliert, exprimiert, gereinigt und auch charakterisiert (Tanaka et al., 1990, *Purification and regulation of mevalonate kinase from rat liver J. Biol. Chem.* 265(4), 2391-98; Chu, Xiusheng and

Li, Ding, 2003, Cloning, expression, and purification of His-tagged rat mevalonate kinase. *Prot. Exp. Purific.* 27, 165-70; Schulte et al., 2000, Purification and characterization of mevalonate kinase from suspension-cultured cells of *Catharanthus roseus* (L.) G. Don. *Arc. Biochem. Biophys.* 378(2), 287-298; Oulmouden and Karst, 1991, Nucleotide sequence of the ERG12 gene of *Saccharomyces cerevisiae* encoding mevalonate kinase. *Curr. Genet.* 19, 9-14).

In der vorliegenden Erfindung wird nun zum ersten Mal die vollständige Sequenz einer Mevalonat Kinase aus dem pflanzenpathogenen Pilz *Ustilago maydis* zur Verfügung gestellt, die die weitere Erforschung von Mevalonat Kinasen insbesondere aus pflanzenpathogenen Pilzen und damit die Erschließung eines neuen Zielproteins für die Identifizierung neuer fungizider Wirkstoffe ermöglicht.

Trotz umfangreicher Forschungen an der Mevalonat Kinase war bislang unbekannt, dass die Mevalonat Kinase in Pilzen ein Zielprotein (ein so genanntes "Target") fungizid wirksamer Substanzen sein kann.

Für bereits bekannte Inhibitoren der Mevalonat Kinase wurde keine fungizide Wirkung beschrieben (siehe z.B. Hinson et al., 1997, Post-translational regulation of mevalonate kinase by intermediates of the cholesterol and nonsterol isoprene biosynthetic pathways. *J. Lipid Res.* 38, 2216-2223; Tanaka et al., 1990, Purification and regulation of mevalonate kinase from rat liver. *J. Biol. Chem.* 265(4), 2391-98). Zwar verweisen verschiedene Veröffentlichung auf die besondere Rolle der Mevalonat Kinase (z.B. Oulmouden and Karst, 1991, Nucleotide sequence of the ERG12 gene of *Saccharomyces cerevisiae* encoding mevalonate kinase. *Curr. Genet.* 19, 9-14) für den Stoffwechsel von Pilzen wie z.B. des Hefepilzes *Saccharomyces cerevisiae* und beschreiben auch, dass die Zerstörung des Hefe-Gens ERG12, welches für die Mevalonat Kinase kodiert, für *S. cerevisiae* letal ist (Oulmouden und Karst, 1990, Isolation of the ERG12 gene of *Saccharomyces cerevisiae* encoding mevalonate kinase. *Gene*, 88, 253-257). Keine der Veröffentlichungen nimmt jedoch Stellung zu der Frage, ob das Enzym Mevalonat Kinase durch Wirkstoffe beeinflusst,

z.B. inhibiert werden kann, und ob eine Behandlung von Pilzen *in vivo* mit einem die Mevalonat Kinase modulierenden Wirkstoff zur Bekämpfung von Pilzen möglich ist. Die Mevalonat Kinase wurde damit als Zielprotein für Fungizide bislang noch nicht beschrieben. Es sind keine Wirkstoffe bekannt, die eine fungizide Wirkung aufweisen und deren Wirkort die Mevalonat Kinase ist.

Damit wird in der vorliegenden Erfindung zum ersten Mal gezeigt, dass die Mevalonat Kinase nicht nur ein insbesondere für Pilze wichtiges Enzym darstellt und deshalb in besonderem Maße dazu geeignet ist, als Zielprotein für die Suche nach weiteren und verbesserten fungizid wirksamen Wirkstoffen verwendet zu werden, sondern auch, dass die pilzliche Mevalonat Kinase tatsächlich *in vitro* und auch *in vivo* durch Wirkstoffe beeinflusst werden kann, dass Modulatoren der Mevalonat Kinase als Fungizide verwendet werden können, und es werden Verfahren zur Verfügung gestellt, die zur Identifizierung solcher Fungizide verwendet werden können.

So wurde im Rahmen der vorliegenden Erfindung ein Verfahren entwickelt, das geeignet ist, die enzymatische Aktivität der Mevalonat Kinase sowie die Hemmung dieser Aktivität durch eine oder mehrere Substanzen in einem so genannten Hemmtest zu bestimmen, und auf diese Weise Modulatoren, bevorzugt Inhibitoren des Enzyms, z.B. in HTS- und UHTS-Verfahren zu identifizieren. Identifizierte Inhibitoren, die *in vitro* bereits eine inhibierende Wirkung auf eine gegebene Mevalonat Kinase zeigen, können dann *in vivo* auf ihre fungizide Wirkung geprüft werden.

Die Inhibitoren einer pilzlichen Mevalonat Kinase können als Fungizide insbesondere im Pflanzenschutz oder auch als Antimykotika in Pharmaindikationen verwendet werden. In der vorliegenden Erfindung wird beispielsweise gezeigt, dass die Hemmung der Mevalonat Kinase mit einer in einem erfindungsgemäßen Verfahren identifizierten Substanz zum Absterben der behandelten Pilze in synthetischen Medien bzw. auf der Pflanze führt.

Mevalonat Kinase kann aus verschiedenen pflanzen oder auch human- oder tierpathogenen Pilzen gewonnen werden, z.B. aus Pilzen wie dem pflanzenpathogenen Pilz *U. maydis*. Zur Herstellung der Mevalonat Kinase aus Pilzen kann das Gen z.B. rekombinant in *Escherichia coli* exprimiert und aus *E. coli* Zellen eine Enzympräparation hergestellt werden (Beispiel 1). Bevorzugt werden Mevalonat Kinasen aus pflanzenpathogenen Pilzen verwendet, um im Pflanzenschutz einsetzbare Fungizide zu identifizieren. Ist das Ziel die Identifizierung von Fungiziden bzw. Antimycotika, die in Pharmaindikationen verwendet werden sollen, empfiehlt sich der Einsatz von Mevalonat Kinasen aus human- bzw. tierpathogenen Pilzen.

Um eine Mevalonat Kinase aus einem pflanzenpathogenen Pilz zur Verfügung zu stellen, wurde für die Expression der von *Umerg12* (*Um* steht für *Ustilago maydis*) gemäß SEQ ID NO:1 kodierten Mevalonat Kinase UmErg12 gemäß SEQ ID NO:2 der zugehörige ORF (open reading frame) aus genomischer DNA nach dem Fachmann bekannten Methoden über genspezifische Primer amplifiziert. Die entsprechende DNA wurde gemäß den Angaben des Herstellers in den Vektor pDEST15 (Invitrogen, ermöglicht die Einführung eines N- terminalen GST-Tags) kloniert. Das resultierende Plasmid pDEST15_umerg12 enthält die vollständige kodierende Sequenz von *Umerg12* in einer N-terminalen Fusion mit einem GST-Tag aus dem Vektor. Das UmErg12 Fusionsprotein besitzt eine berechnete Masse von 74,5 kDa (vgl. Beispiel 1 und Abbildung 3).

Das Plasmid pDEST15_umerg12 wurde dann zur rekombinanten Expression von UmErg12 in *E. coli* BL21 (DE3) verwendet (vgl. Beispiel 1).

In der vorliegenden Erfindung wird damit auch eine weitere vollständige genomische Sequenz eines pflanzenpathogenen Pilzes kodierend für eine Mevalonat Kinase zur Verfügung gestellt, und deren Verwendung bzw. die Verwendung des davon kodierten Polypeptids zur Identifizierung von Inhibitoren des Enzyms sowie deren Verwendung als Fungizide beschrieben.

Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist deshalb auch die für ein Polypeptid mit der enzymatischen Funktion einer Mevalonat Kinase kodierende Nukleinsäure aus dem Pilz *Ustilago maydis*.

5

Mevalonat Kinasen teilen sich homologe Bereiche. Typisch für Mevalonat Kinasen ist eine konservierte Region, die beide bei der Bindung von ATP beteiligt ist.

10

Diese ATP-Bindungsstelle ist ein für Mevalonat Kinasen charakteristisches Sequenzmerkmal. Durch eine geeignete Suche in der PROSITE database kann ein solches Motiv identifiziert werden (Hofmann K., Bucher P., Falquet L., Bairoch A. (1999) "The PROSITE database, its status in 1999". *Nucleic Acids Res.* 27, 215). Es kann wie folgt dargestellt werden:

15

[LIVM]-[PK]-x-[GSTA]-x(0,1)-G-[LM]-[GS]-S-S-[GSA]-[GSTAC],

PROSITE ermöglicht Polypeptiden eine Funktion zuzuordnen und somit Guanylat Kinasen als solche zu erkennen.

20

Bei der Darstellung des Prosite Motivs wird der "Ein-Buchstaben-Code" verwendet. Das Symbol "x" steht für eine Position, an der jede Aminosäure akzeptiert wird. Eine variable Position, an der verschiedene bestimmte Aminosäuren akzeptiert werden, wird in eckigen Klammern "[...]" dargestellt, wobei die an dieser Position möglichen Aminosäuren aufgezählt werden. Aminosäuren, die an einer bestimmten Position nicht akzeptiert werden, stehen dagegen in geschweiften Klammern "{...}". Ein Gedankenstrich "-" trennt die einzelnen Elemente bzw. Positionen des Motivs. Wiederholt sich eine bestimmte Position, z.B. "x", mehrfach hintereinander, kann dies durch Angabe der Zahl der Wiederholungen in einer nachfolgenden Klammer dargestellt werden, z.B. "x (3)", was für "x-x-x" steht.

25

30

Ein Prosite Motiv stellt also letztlich die Komponenten einer Konsensussequenz dar, sowie Abstände zwischen den beteiligten Aminosäuren und ist damit typisch für eine bestimmte Enzymklasse. Anhand dieses Motivs können auf Basis der erfindungsgemäßen Nukleinsäuren weitere Polypeptide aus pflanzenpathogenen Pilzen identifiziert bzw. zugeordnet werden, die zur selben Klasse wie das erfindungsgemäße Polypeptid gehören und deshalb auch in erfindungsgemäßer Weise verwendet werden können.

Im Falle der Mevalonat Kinase aus *U. maydis* liegt dieses Motiv ebenso vor wie bei *S. cerevisiae*, *S. pombe*, *Magnaporthe grisea* oder *N. crassa* (vgl. Abbildung 2). Die spezifische Konsensussequenz für eine erfindungsgemäße Mevalonat Kinase, die zur Identifizierung bzw. Zuordnung weiterer erfindungsgemäßer Polypeptide genutzt werden kann, ist deshalb bevorzugt

15

P-x-G-x-G-L-G-S-S-A,

und besonders bevorzugt die Konsensussequenz

P-I-G-A-G-L-G-S-S-A-A.

20

Das oben genannte Prosite Motiv bzw. die spezifische Konsensussequenz sind typisch für die erfindungsgemäßen Polypeptide, die anhand dieser Konsensussequenzen strukturell definiert werden können und damit auch eindeutig identifizierbar sind.

25

Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind deshalb auch Polypeptide aus pflanzenpathogenen Pilzen mit der biologischen Aktivität einer Mevalonat Kinase, die das vorstehend genannte Prosite Motiv [LIVM]-[PK]-x-[GSTA]-x(0,1)-G-[LM]-[GS]-S-[GSA]-[GSTAC] umfassen, bevorzugt solche Polypeptide, die das vorstehend genannte Motiv P-x-G-x-G-L-G-S-S-A umfassen, und besonders bevorzugt solche Polypeptide, die die Konsensussequenz P-I-G-A-G-L-G-S-S-A umfassen.

30

Aufgrund der Homologien, die bei speziesspezifischen Nukleinsäuren kodierend für Guanylat Kinasen vorliegen, können auch Mevalonat Kinasen aus anderen pflanzenpathogenen Pilzen identifiziert und verwendet werden, um die oben gestellte Aufgabe zu lösen, d.h. sie können ebenfalls zum Identifizieren von Inhibitoren einer Mevalonat Kinase verwendet werden, welche wiederum als Fungizide im Pflanzenschutz verwendet werden können. Es ist jedoch auch denkbar einen anderen Pilz, der nicht pflanzenpathogen ist, bzw. dessen Mevalonat Kinase oder die dafür kodierende Sequenz zu verwenden, um fungizid wirkende Inhibitoren der Mevalonat Kinase zu identifizieren. Aufgrund der hier angegebenen Sequenz gemäß SEQ ID NO: 1 und eventuell davon abgeleiteten Primern sowie gegebenenfalls unter Zuhilfenahme des vorstehend gezeigten Prosite Motivs ist es dem Fachmann möglich, z.B. mittels PCR weitere für Mevalonat Kinasen kodierende Nukleinsäuren aus anderen (pflanzenpathogenen) Pilzen zu erhalten und zu identifizieren. Solche Nukleinsäuren und deren Verwendung in Verfahren zum Identifizieren von fungiziden Wirkstoffen werden als von der vorliegenden Erfindung umfasst betrachtet.

Mit Hilfe der erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenz sowie der bereits vorstehend genannten bereits bekannten Sequenzen aus anderen pflanzenpathogenen Pilzen können weitere für eine Mevalonat Kinase kodierende Nukleinsäuresequenzen aus anderen Pilzen identifiziert werden.

Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind insbesondere bevorzugt die für die Mevalonat Kinase aus *Ustilago maydis* kodierenden Nukleinsäuren mit der SEQ ID NO:1 sowie die für die Polypeptide gemäß SEQ ID NO:2 oder aktive Fragmente davon kodierenden Nukleinsäuren.

Bei den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren handelt es sich insbesondere um einzelsträngige oder doppelsträngige Desoxyribonukleinsäuren (DNA) oder Ribonukleinsäuren (RNA). Bevorzugte Ausführungsformen sind Fragmente genomischer DNA, und cDNAs.

Besonders bevorzugt umfassen die erfindungsgemäßen Nukleinsäuren eine Sequenz ausgewählt aus

- 5 a) einer Sequenz gemäß SEQ ID NO: 1,
- b) Sequenzen, die für ein Polypeptid kodieren, welches die Aminosäuresequenz gemäß SEQ ID NO: 2 umfasst,
- 10 c) Sequenzen, welche eine zumindest 90 %ige Identität mit den unter a) und b) definierten Sequenzen aufweisen und für das Sequenzmotiv [LIVM]-[PK]-x-[GSTA]-x(0,1)-G-[LM]-[GS]-S-S-[GSA]-[GSTAC] kodieren,
- 15 d) Sequenzen, welche zu den unter a) bis c) definierten Sequenzen komplementär sind, und
- e) Sequenzen, welche aufgrund der Degeneriertheit des genetischen Codes für dieselbe Aminosäuresequenz kodieren wie die unter a) und b) definierten Sequenzen.
- 20

Wie bereits vorstehend ausgeführt, ist die vorliegende Erfindung nicht nur auf die Verwendung von Mevalonat Kinase aus *U. maydis* beschränkt. In analoger und dem Fachmann bekannter Weise können auch aus anderen Pilzen, vorzugsweise aus pflanzenpathogenen Pilzen, Polypeptide mit der Aktivität einer Mevalonat Kinase verwendet oder gewonnen werden, die dann in einem erfindungsgemäßen Verfahren eingesetzt werden können. Bevorzugt wird die Mevalonat Kinase aus *U. maydis* verwendet.

25

Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind weiterhin DNA-Konstrukte, die eine erfindungsgemäße Nukleinsäure und einen homologen oder heterologen Promotor umfassen.

5 Der Ausdruck "homologer Promotor", wie er hierin verwendet wird, bezieht sich auf einen Promotor, der im Ursprungsorganismus die Expression des betreffenden Gens kontrolliert. Der Ausdruck "heterologer Promotor", wie er hierin verwendet wird, bezieht sich auf einen Promotor, der andere Eigenschaften als derjenige Promotor aufweist, der im Ursprungsorganismus die Expression des betreffenden Gens kontrolliert.

10 Die Auswahl von heterologen Promotoren ist davon abhängig, ob zur Expression pro- oder eukaryotische Zellen oder zellfreie Systeme verwendet werden. Beispiele für heterologe Promotoren sind der 35S Promoter des Blumenkohlmosaikvirus für pflanzliche Zellen, der Promoter der Alkoholdehydrogenase für Hefezellen, die T3-, T7- oder SP6-Promotoren für prokaryotische Zellen oder zellfreie Systeme.

15 Bevorzugt sollten pilzliche Expressionssysteme wie z.B. das *Pichia pastoris*-System verwendet werden, wobei hier die Transkription durch den Methanol induzierbaren AOX-Promotor angetrieben wird.

20 Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind ferner Vektoren, die eine erfindungsgemäße Nukleinsäure, eine erfindungsgemäße regulatorische Region oder ein erfindungsgemäßes DNA-Konstrukt enthalten. Als Vektoren können alle in molekularbiologischen Laboratorien verwendete Phagen, Plasmide, Phagmide, Phasmide, Cosmide, YACs, BACs, künstliche Chromosomen oder Partikel, die für einen Partikelbeschuss geeignet sind, verwendet werden.

25 Bevorzugte Vektoren sind z.B. die p4XXprom. Vektorserie (Mumberg, D., Müller, R., Funk, M., 1995. Yeast vectors for the controlled expression of heterologous proteins in different genetic backgrounds. Gene 156, 119-122) für Hefezellen,

30

pSPORT-Vektoren (Fa. Life Technologies) für bakterielle Zellen, oder den Gateway Vektoren (Fa. Life Technologies) für verschiedene Expressionssysteme in bakteriellen Zellen, Pflanzen, *P. pastoris*, *S. cerevisiae* oder Insektenzellen.

- 5 Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind auch Wirtszellen, die eine erfindungsgemäße Nukleinsäure, ein erfindungsgemäßes DNA-Konstrukt oder einen erfindungsgemäßen Vektor enthalten.

10 Der Ausdruck "Wirtszelle", wie er hierin verwendet wird, bezieht sich auf Zellen, die natürlicherweise die erfindungsgemäßen Nukleinsäuren nicht enthalten.

Als Wirtszellen eignen sich sowohl prokaryotische Zellen, vorzugsweise *E. coli*, als auch eukaryotische Zellen, wie Zellen von *Saccharomyces cerevisiae*, *Pichia pastoris*, Insekten, Pflanzen, Froschoozyten und Zelllinien von Säugern.

15 Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind weiterhin Polypeptide mit der biologischen Aktivität einer Mevalonat Kinase, die von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren kodiert werden.

20 Bevorzugt umfassen die erfindungsgemäßen Polypeptide eine Aminosäuresequenz ausgewählt aus

(a) der Sequenz gemäß SEQ ID NO:2,

25 (b) Sequenzen, welche eine 95 %ige Identität mit der unter a) definierten Sequenz haben, und das Sequenzmotiv [LIVM]-[PK]-x-[GSTA]-x(0,1)-G-[LM]-[GS]-S-S-[GSA]-[GSTAC] umfassen,

30 (c) Fragmente der unter a) und b) angegebenen Sequenzen, welche die gleiche biologische Aktivität aufweisen wie die unter a) definierte Sequenz.

Der Ausdruck "Polypeptide", wie er hierin verwendet wird, bezieht sich sowohl auf kurze Aminosäureketten, die gewöhnlich als Peptide, Oligopeptide oder Oligomere bezeichnet werden, als auch auf längere Aminosäureketten, die gewöhnlich als Proteine bezeichnet werden. Er umfasst Aminosäureketten, die entweder durch natürliche Prozesse, wie posttranslationale Prozessierung, oder durch chemische Verfahren, die Stand der Technik sind, modifiziert sein können. Solche Modifikationen können an verschiedenen Stellen und mehrfach in einem Polypeptid vorkommen, wie beispielsweise am Peptid-Rückgrat, an der Aminosäure-Seitenkette, am Amino- und/oder am Carboxy-Terminus. Sie umfassen beispielsweise Acetylierungen, Acylierungen, ADP-Ribosylierungen, Amidierungen, kovalente Verknüpfungen mit Flavinen, Häm-Anteilen, Nukleotiden oder Nukleotid-Derivaten, Lipiden oder Lipid-Derivaten oder Phosphatidylinositol, Cyclisierungen, Disulfidbrückenbildungen, Demethylierungen, Cystin-Bildungen, Formylierungen, gamma-Carboxylierungen, Glycosylierungen, Hydroxylierungen, Iodierungen, Methylierungen, Myristoylierungen, Oxidationen, proteolytische Prozessierungen, Phosphorylierungen, Selenoylierungen und tRNA-vermittelte Additionen von Aminosäuren.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide können in der Form "reifer" Proteine oder als Teile größerer Proteine, z.B. als Fusionsproteine, vorliegen. Weiterhin können sie Sezernierungs- oder "Leader"-Sequenzen, Pro-Sequenzen, Sequenzen, die eine einfache Reinigung ermöglichen, wie mehrfache Histidin-Reste, oder zusätzliche stabilisierende Aminosäuren aufweisen. Die erfindungsgemäßen Proteine können ebenfalls so vorliegen, wie sie natürlicherweise in ihrem Herkunftsorganismus vorliegen, aus dem sie zum Beispiel direkt gewonnen werden können. In den erfindungsgemäßen Verfahren können ebenso aktive Fragmente einer Mevalonat Kinase eingesetzt werden, solange sie die Bestimmung der enzymatischen Aktivität des Polypeptids bzw. deren Inhibition durch eine Kandidatenverbindung ermöglichen.

Die in den erfindungsgemäßen Verfahren eingesetzten Polypeptide können im Vergleich zu den entsprechenden Regionen von natürlich vorkommenden Mevalonat

5 Kinasen Deletionen oder Aminosäuresubstitutionen aufweisen, solange sie zumindest noch die biologische Aktivität einer vollständigen Mevalonat Kinase zeigen. Konservative Substitutionen sind bevorzugt. Solche konservativen Substitutionen umfassen Variationen, wobei eine Aminosäure durch eine andere Aminosäure aus der folgenden Gruppe ersetzt wird:

1. Kleine aliphatische, nicht-polare oder wenig polare Reste: Ala, Ser, Thr, Pro und Gly;
2. Polare, negativ geladene Reste und deren Amide: Asp, Asn, Glu und Gln;
- 10 3. Polare, positiv geladene Reste: His, Arg und Lys;
4. Große aliphatische, nicht-polare Reste: Met, Leu, Ile, Val und Cys; und
5. Aromatische Reste: Phe, Tyr und Trp.

15 Ein mögliches Reinigungsverfahren der Mevalonat Kinase basiert auf präparativer Elektrophorese, FPLC, HPLC (z.B. unter Anwendung von Gelfiltrations-, Reversphasen- oder leicht hydrophoben Säulen), Gelfiltration, differentieller Präzipitation, Ionenaustausch-Chromatographie oder Affinitätschromatographie (vgl. Beispiel 1).

20 Ein schnelles Verfahren zum Isolieren von Mevalonat Kinasen, die von Wirtszellen synthetisiert werden, beginnt mit der Expression eines Fusionsproteins, wobei der Fusionspartner auf einfache Weise affinitätsgereinigt werden kann. Der Fusionspartner kann beispielsweise ein GST-Tag sein (vgl. Beispiel 1). Das Fusionsprotein kann dann an Glutathion-Sepharosesäule gereinigt werden. Der Fusionspartner kann durch partielle proteolytische Spaltung beispielsweise an Linkern zwischen dem
25 Fusionspartner und dem zu reinigenden erfindungsgemäßen Polypeptid abgetrennt werden. Der Linker kann so gestaltet werden, dass er Ziel-Aminosäuren, wie Arginin- und Lysin-Reste einschließt, die Stellen für eine Spaltung durch Trypsin definieren. Um solche Linker zu erzeugen, können Standard-Klonierungsverfahren unter Verwendung von Oligonukleotiden angewendet werden.

30

Weitere mögliche Reinigungsverfahren basieren wiederum auf präparativer Elektrophorese, FPLC, HPLC (z.B. unter Anwendung von Gelfiltrations-, Reversphasen- oder leicht hydrophoben Säulen), Gelfiltration, differentieller Präzipitation, Ionenaustausch-Chromatographie und Affinitätschromatographie.

5

Die Ausdrücke "Isolierung oder Reinigung", wie sie hierin verwendet werden, bedeuten, dass die erfindungsgemäßen Polypeptide von anderen Proteinen oder anderen Makromolekülen der Zelle oder des Gewebes abgetrennt werden. Vorzugsweise ist eine die erfindungsgemäßen Polypeptide enthaltende Zusammensetzung hinsichtlich des Proteingehalts gegenüber einer Präparation aus den Wirtszellen mindestens 10-fach und besonders bevorzugt mindestens 100-fach angereichert.

10

Die erfindungsgemäßen Polypeptide können auch ohne Fusionspartner mit Hilfe von Antikörpern, die an die Polypeptide binden, affinitätsgereinigt werden.

15

Das Verfahren zum Herstellen von Polypeptiden mit der Aktivität einer Mevalonat Kinase, wie z.B. des Polypeptids UmErg12, ist damit gekennzeichnet ist durch

(a) das Kultivieren einer Wirtszelle enthaltend zumindest eine exprimierbare Nukleinsäuresequenz kodierend für ein Polypeptid aus Pilzen mit der biologischen Aktivität einer Mevalonat Kinase unter Bedingungen, die die Expression dieser Nukleinsäure gewährleisten, oder

20

(b) das Exprimieren einer exprimierbaren Nukleinsäuresequenz kodierend für ein Polypeptid aus Pilzen mit der biologischen Aktivität einer Mevalonat Kinase in einem *in vitro*-System, und

25

(c) die Gewinnung des Polypeptids aus der Zelle, dem Kulturmedium oder dem *in vitro*-System.

30

Die so erhaltenen Zellen enthaltend das erfindungsgemäße Polypeptid oder das so erhaltene gereinigte Polypeptid sind geeignet, in Verfahren zum Identifizieren von Modulatoren bzw. Inhibitoren der Mevalonat Kinase verwendet zu werden.

5 Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist auch die Verwendung von Polypeptiden aus Pilzen, bevorzugt aus pflanzenpathogenen bzw. human- oder tierpathogenen Pilzen, welche die biologische Aktivität einer Mevalonat Kinase besitzen, in Verfahren zum Identifizieren von Inhibitoren eines Polypeptids mit der Aktivität einer Mevalonat Kinase, und die Verwendung dieser Inhibitoren der Mevalonat Kinase als Fungizide.

10 Fungizide Wirkstoffe, die mit Hilfe einer Mevalonat Kinase aus einer bestimmten Pilzspezies gefunden werden, können auch mit Mevalonat Kinasen aus anderen Pilzspezies interagieren, wobei die Interaktion mit den unterschiedlichen in diesen
15 Pilzen vorkommenden Mevalonat Kinasen nicht immer gleich stark sein muss. Dies erklärt unter anderem die Selektivität wirksamer Substanzen. Die Verwendung von Wirkstoffen, die mit einer Mevalonat Kinase einer bestimmten Pilz-Spezies gefunden wurden, als Fungizide auch bei anderen Pilze-Spezies kann darauf zurückgeführt werden, dass sich Mevalonat Kinasen aus verschiedenen Pilzspezies relativ nahe
20 stehen und in größeren Bereichen eine ausgeprägte Homologie zeigen. So wird in Abbildung 3 deutlich, dass eine solche Homologie über beträchtliche Sequenzabschnitte hinweg zwischen *U. maydis*, *S. cerevisiae*, *N. crassa*, *S. pombe* und *M. grisea* besteht und damit die Wirkung der mit Hilfe der Mevalonat Kinase aus *U. maydis* gefundenen Substanzen nicht auf *U. maydis* beschränkt bleibt. In
25 Verfahren zum Identifizieren von Fungiziden werden deshalb bevorzugt Polypeptide mit der enzymatischen Aktivität einer Mevalonat Kinase verwendet, die eine Konsensussequenz gemäß Abbildung 2 aufweisen.

30 Verfahren, die geeignet sind, Modulatoren, insbesondere Inhibitoren bzw. Antagonisten der erfindungsgemäßen Polypeptide zu identifizieren, beruhen in aller Regel auf der Bestimmung der Aktivität bzw. der biologischen Funktionalität des Poly-

peptids. Dazu kommen prinzipiell sowohl auf ganzen Zellen beruhende Verfahren (*in vivo* Verfahren) in Frage, wie auch Verfahren, die auf der Verwendung des aus den Zellen isolierten Polypeptids beruhen, das in gereinigter oder teilweise gereinigter Form oder auch als Rohextrakt vorliegen kann. Diese zellfreien *in vitro* Verfahren können ebenso wie *in vivo* Verfahren im Labormaßstab, in bevorzugter Weise aber auch in HTS oder UHTS Verfahren genutzt werden. Im Anschluss an die *in vivo* oder *in vitro* Identifizierung von Modulatoren des Polypeptids können Tests an Pilzkulturen durchgeführt werden, um die fungizide Wirksamkeit der gefundenen Verbindungen zu prüfen.

Viele Testsysteme, die die Prüfung von Verbindungen und natürlichen Extrakten zum Ziel haben, sind bevorzugt auf hohe Durchsatzzahlen ausgerichtet, um die Zahl der untersuchten Substanzen in einem gegebenen Zeitraum zu maximieren. Testsysteme, die auf zellfreiem Arbeiten beruhen, brauchen gereinigtes oder semigereinigtes Protein. Sie sind geeignet für eine "erste" Prüfung, die in erster Linie darauf abzielt, einen möglichen Einfluss einer Substanz auf das Zielprotein zu detektieren. Ist eine solche erste Prüfung erfolgt und eine oder mehrere Verbindungen, Extrakte etc. gefunden, kann die Wirkung solcher Verbindungen im Labor noch gezielter untersucht werden. So kann in einem ersten Schritt die Inhibierung oder Aktivierung des erfindungsgemäßen Polypeptids *in vitro* noch einmal geprüft werden, um im Anschluss daran die Wirksamkeit der Verbindung am Zielorganismus, hier einem oder mehreren pflanzenpathogenen Pilzen, zu testen. Die Verbindung kann dann gegebenenfalls als Ausgangspunkt für die weitere Suche und Entwicklung von fungiziden Verbindungen verwendet werden, die auf der ursprünglichen Struktur basieren, jedoch z.B. hinsichtlich Wirksamkeit, Toxizität oder Selektivität optimiert sind.

Um Modulatoren aufzufinden, kann z.B. ein synthetischer Reaktionsmix (z.B. Produkte der *in vitro* Transkription) oder ein zellulärer Bestandteil, wie eine Membran, ein Kompartiment oder irgendeine andere Präparation, die die erfindungsgemäßen Polypeptide enthält, zusammen mit einem gegebenenfalls markierten Sub-

strat oder Liganden der Polypeptide in Gegenwart und Abwesenheit eines Kandidatenmoleküls, das ein Antagonist sein kann, inkubiert werden. Die Fähigkeit des Kandidatenmoleküls, die Aktivität der erfindungsgemäßen Polypeptide zu hemmen, wird z.B. erkennbar an einer verringerten Bindung des gegebenenfalls markierten Liganden oder an einer verringerten Umsetzung des gegebenenfalls markierten Substrates. Moleküle, die die biologische Aktivität der erfindungsgemäßen Polypeptide hemmen, sind gute Antagonisten.

Ein Beispiel für ein Verfahren, mit welchem Modulatoren der erfindungsgemäßen Polypeptide aufgefunden werden können, ist ein Verdrängungstest, bei dem man unter dafür geeigneten Bedingungen die erfindungsgemäßen Polypeptide und einen potenziellen Modulator mit einem Molekül, das bekanntermaßen an die erfindungsgemäßen Polypeptide bindet, wie einem natürlichen Substrat oder Liganden oder einem Substrat- oder Liganden-Mimetikum zusammenbringt. Die erfindungsgemäßen Polypeptide selbst können markiert werden, z.B. fluorimetrisch oder colorimetrisch, so dass man die Anzahl der Polypeptide, die an einen Liganden gebunden sind oder die eine Umsetzung mitgemacht haben, exakt bestimmen kann. Ebenso kann jedoch die Bindung mittels des gegebenenfalls markierten Substrats, Liganden bzw. Substratanalogen verfolgt werden. Auf diese Weise lässt sich die Effektivität von Antagonisten ermitteln.

Effekte wie Zelltoxizität werden in diesen *in vitro* Systemen in der Regel ignoriert. Die Testsysteme überprüfen dabei sowohl inhibierende bzw. suppressive Effekte der Substanzen, als auch stimulatorische Effekte. Die Effektivität einer Substanz kann durch konzentrationsabhängige Testreihen überprüft werden. Kontrollansätze ohne Testsubstanzen bzw. ohne Enzym können zur Bewertung der Effekte herangezogen werden.

Durch die anhand der vorliegenden Erfindung verfügbaren, für eine erfindungsgemäße Mevalonat Kinase kodierende Nukleinsäuren enthaltenden Wirtszellen, wird die Entwicklung von Testsystemen, die auf Zellen basieren, zur Identifizierung von

Substanzen ermöglicht, die die Aktivität der erfindungsgemäßen Polypeptide modulieren.

5 Vorzugsweise handelt es sich bei den zu identifizierenden Modulatoren um kleine organisch-chemische Verbindungen.

Ein Verfahren zum Identifizieren einer Verbindung, die die Aktivität einer Mevalonat Kinase aus Pilzen moduliert und die als Fungizid im Pflanzenschutz verwendet werden kann, besteht demnach bevorzugt darin, dass man

- 10
- a) ein Polypeptid mit der biologischen Aktivität einer Mevalonat Kinase, bevorzugt aus Pilzen und besonders bevorzugt aus pflanzenpathogenen Pilzen, oder eine Wirtszelle enthaltend ein solches Polypeptid mit einer chemischen Verbindung oder mit einem Gemisch von chemischen Verbindungen unter Bedingungen in Kontakt bringt, die die Interaktion einer chemischen Verbindung mit dem Polypeptid erlauben,
- 15
- b) die Aktivität dieses Polypeptids bei Abwesenheit einer chemischen Verbindung mit der Aktivität des Polypeptids bei Anwesenheit einer chemischen Verbindung oder eines Gemisches von chemischen Verbindungen vergleicht,
- 20
- c) die chemische Verbindung auswählt, die die Aktivität des erfindungsgemäßen Polypeptids spezifisch moduliert, und gegebenenfalls
- 25
- d) die fungizide Wirkung der ausgewählten Verbindung *in vivo* prüft.

Besonders bevorzugt wird dabei diejenige Verbindung bestimmt, die die Aktivität des erfindungsgemäßen Polypeptids spezifisch inhibiert. Der Begriff "Aktivität", wie er hier verwendet wird, bezieht sich auf die biologische Aktivität des erfindungsgemäßen Polypeptids.

30

5 In einer bevorzugten Ausführungsform wird die Tatsache genutzt, dass bei der Reaktion der Mevalonat Kinase ein Molekül Adenosindiphosphat (ADP) freigesetzt wird. Die Aktivität bzw. die Ab- oder Zunahme der Aktivität des erfindungsgemäßen Polypeptids kann deswegen durch den Nachweis des entstehenden ADP bestimmt werden. Dabei wird die geringere bzw. inhibierte Aktivität des erfindungsgemäßen Polypeptids anhand des Nachweises des entstehenden ADP durch Kopplung an die nachgeschaltete Reaktion der Pyruvat Kinase und Laktat Dehydrogenase verfolgt. Die Pyruvatkinase setzt dabei Phosphoenolpyruvat zu Pyruvat um, welches dann von der Laktat Dehydrogenase zur Oxidation von NADH zu NAD verwendet wird. Die durch die gekoppelte Reaktion steigende NAD-Konzentration bzw. abnehmende NADH-Konzentration kann photospektrometrisch durch Absorptions- oder Fluoreszenzmessung (bei 340 nm bzw. einer Anregungswellenlänge von 360nm und einer Emissionswellenlänge von 465nm) bestimmt werden.

15 Die Messung kann auch in für HTS- oder UHTS-Assays gängigeren Formaten erfolgen, z.B. in Mikrotiterplatten, in denen z.B. ein Gesamtvolumen von 5 bis 50 µl pro Ansatz bzw. pro Well vorgelegt wird und die einzelnen Komponenten in der gewünschten Endkonzentrationen vorliegen (vgl. Beispiel 2). Dabei wird die zu testende, potentiell die Aktivität des Enzyms inhibierende oder aktivierende Verbindung (Kandidatenmolekül) z.B. in einer geeigneten Konzentration in Testpuffer enthaltend Mevalonat, Adenosintriphosphat, Phosphoenolpyruvat und die gekoppelten Hilfsenzyme Pyruvat Kinase und Laktat Dehydrogenase vorgelegt. Dann wird das erfindungsgemäße Polypeptid in Testpuffer zugegeben und die Reaktion dadurch gestartet. Der Ansatz wird dann bei einer geeigneten Temperatur inkubiert und die Absorptionsabnahme bei 340 nm gemessen. Die Inkubationsdauer kann dabei über einen größeren Zeitraum variiert werden. Bevorzugt erfolgt eine Inkubation für 5 bis 60, bevorzugt für 15 bis 45 Minuten, im Mittel also etwa 30 Minuten. Der gekoppelte Enzymtest wird z.B. in Tanaka et al., 1990, beschrieben (Tanaka et al., 1990, Purification and Regulation of Mevalonate Kinase from Rat Liver. J. Biol. Chem. 265, 2391-2398).

5 Eine weitere Messung erfolgt in einem entsprechenden Ansatz, jedoch ohne Zugabe eines Kandidatenmoleküls und ohne Zugabe eines erfindungsgemäßen Polypeptids (Negativkontrolle). Eine weitere Messung erfolgt wiederum bei Abwesenheit eines Kandidatenmoleküls, jedoch bei Anwesenheit des erfindungsgemäßen Polypeptids (Positivkontrolle). Negativ- und Positivkontrolle ergeben damit die Vergleichswerte zu den Ansätzen bei Anwesenheit eines Kandidatenmoleküls.

10 Um optimale Bedingungen für ein Verfahren zum Identifizieren von Inhibitoren der Mevalonat Kinase bzw. zur Bestimmung der Aktivität der erfindungsgemäßen Polypeptide zu ermitteln, kann es vorteilhaft sein, den jeweiligen K_M -Wert des verwendeten erfindungsgemäßen Polypeptids zu bestimmen. Dieser gibt dann Aufschluss über die bevorzugt zu verwendende Konzentration des bzw. der Substrate. Im Fall der Mevalonat Kinase aus *U. maydis* konnte ein K_M von 130 μM für Adenosintriphosphat und ein K_M von 200 μM für Mevalonat bestimmt werden.

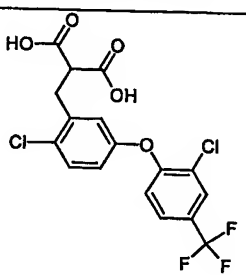
15 Mit Hilfe der vorstehend beispielhaft beschriebenen Verfahren konnten im Rahmen der vorliegenden Erfindung Verbindungen identifiziert werden, die die pilzliche Mevalonat Kinase inhibieren, und die in der Lage sind, Pilze verschiedener Spezies zu schädigen (z.B. Wachstumshemmung) bzw. abzutöten.

20 Es versteht sich von selbst, dass neben den genannten Verfahren zur Bestimmung der enzymatischen Aktivität einer Mevalonat Kinase bzw. der Inhibition dieser Aktivität und zum Identifizieren von Fungiziden auch andere, z.B. bereits bekannte, Verfahren bzw. Hemmtests verwendet werden können, solange diese Verfahren es gestatten, die Aktivität einer Mevalonat Kinase zu bestimmen und eine Inhibition dieser Aktivität durch eine Kandidatenverbindung zu erkennen. Ein alternatives Verfahren beruht z.B. auf dem Einsatz radioaktiv markierten ATPs (Oulmouden und Karst, 1991, Nucleotide sequence of the ERG12 gene of *Saccharomyces cerevisiae* encoding mevalonate kinase. Curr. Genet. 19, 9-14).

Mit dem erfindungsgemäßen Verfahren konnten auf diese Weise Inhibitoren der Mevalonat Kinase identifiziert werden.

5 In Tabelle I wird beispielhaft eine Verbindung gezeigt, die mit einem erfindungsgemäßen Verfahren als ein Inhibitor der Mevalonat Kinase identifiziert werden konnte.

Tabelle I

Beispiel	Verbindung
1	

10 Im Rahmen der vorliegenden Erfindung konnte weiter gezeigt werden, dass die mit Hilfe eines erfindungsgemäßen Verfahrens identifizierten Inhibitoren einer erfindungsgemäßen Mevalonat Kinase geeignet sind, Pilze zu schädigen oder zu töten.

15 Dazu können z.B. in die Kavitäten von Mikrotiterplatten eine Lösung des zu prüfenden Wirkstoffs pipettiert werden. Nachdem das Lösungsmittel abgedampft ist, wird zu jeder Kavität Medium hinzugefügt. Das Medium wird vorher mit einer geeigneten Konzentration von Sporen bzw. Mycel des zu prüfenden Pilzes versetzt. Die resultierenden Konzentrationen des Wirkstoffes betragen z.B. 0,1, 1, 10 und
20 100 ppm.

Die Platten werden anschließend auf einem Schüttler bei einer Temperatur von 22°C inkubiert, bis in der unbehandelten Kontrolle ein ausreichendes Wachstum feststellbar ist.

Die Auswertung erfolgt photometrisch bei einer Wellenlänge von 620 nm. Aus den Messdaten der verschiedenen Konzentrationen kann die Wirkstoffdosis bestimmt werden, die zu einer 50 %igen Hemmung des Pilzwachstums gegenüber der unbehandelten Kontrolle führt (ED₅₀). Auf diese Weise konnte gezeigt werden, dass mit einem erfindungsgemäßen Verfahren Inhibitoren der Mevalonat Kinase identifiziert werden konnten, die eine fungizide Wirkung *in vivo* besitzen.

In Tabelle II sind die Ergebnisse eines solchen Tests als ED₅₀-Werte für eine in einem erfindungsgemäßen Verfahren gefundene Verbindung (vgl. Tab. I) beispielhaft wiedergegeben. Die Verbindung zeigt bei verschiedenen Pilzen eine fungizide Wirkung.

Tabelle II

<u>Verbindung</u> (Bsp.)	<u>Organismus</u>	<u>ED₅₀ [ppm]</u>
1	<i>Botrytis cinerea</i>	0,37
1	<i>Pyricularia oryzae</i>	<0,10
1	<i>Aspergillus nidulans</i>	0,28

Die vorliegende Erfindung bezieht sich daher ebenfalls auf die Verwendung von Modulatoren der Mevalonat Kinase aus Pilzen, bevorzugt aus pflanzenpathogenen Pilzen als Fungizide.

Die vorliegende Erfindung bezieht sich auch auf Fungizide, die mit Hilfe eines erfindungsgemäßen Verfahrens identifiziert wurden.

Verbindungen, die mit Hilfe eines erfindungsgemäßen Verfahrens identifiziert werden, und die aufgrund der Inhibition der pilzlichen Mevalonat Kinase eine fungi-

zide Wirkung aufweisen, können dann zur Herstellung von fungiziden Mitteln verwendet werden.

5 Die identifizierten Wirkstoffe können in Abhängigkeit von ihren jeweiligen physikalischen und/oder chemischen Eigenschaften in die üblichen Formulierungen überführt werden, wie Lösungen, Emulsionen, Suspensionen, Pulver, Schäume, Pasten, Granulate, Aerosole, Feinstverkapselungen in polymeren Stoffen und in Hüllmassen für Saatgut, sowie ULV-Kalt- und Warmnebel-Formulierungen.

10 Diese Formulierungen werden in bekannter Weise hergestellt, z.B. durch Vermischen der Wirkstoffe mit Streckmitteln, also flüssigen Lösungsmitteln, unter Druck stehenden verflüssigten Gasen und/oder festen Trägerstoffen, gegebenenfalls unter Verwendung von oberflächenaktiven Mitteln, also Emulgiermitteln und/oder Dispergiermitteln und/oder schaumerzeugenden Mitteln. Im Falle der Benutzung von Wasser als Streck-

15 mittel können z.B. auch organische Lösungsmittel als Hilfslösungsmittel verwendet werden. Als flüssige Lösungsmittel kommen im wesentlichen in Frage: Aromaten, wie Xylol, Toluol oder Alkylnaphthaline, chlorierte Aromaten oder chlorierte aliphatische Kohlenwasserstoffe, wie Chlorbenzole, Chlorethylene oder Methylenchlorid, aliphatische Kohlenwasserstoffe, wie Cyclohexan oder Paraffine, z.B. Erdölfraktionen, Alkohole, wie Butanol oder Glycol sowie deren Ether und Ester, Ketone, wie Aceton, Methylethylketon, Methylisobutylketon oder Cyclohexanon, stark polare Lösungsmittel, wie Dimethylformamid und Dimethylsulfoxid, sowie Wasser. Mit verflüssigten gasförmigen Streckmitteln oder Trägerstoffen sind solche Flüssigkeiten gemeint,

20 welche bei normaler Temperatur und unter Normaldruck gasförmig sind, z.B. Aerosol-Treibgase, wie Halogenkohlenwasserstoffe sowie Butan, Propan, Stickstoff und Kohlendioxid. Als feste Trägerstoffe kommen in Frage: z.B. natürliche Gesteinsmehle, wie Kaoline, Tonerden, Talkum, Kreide, Quarz, Attapulgit, Montmorillonit oder Diato-

25 meenerde und synthetische Gesteinsmehle, wie hochdisperse Kieselsäure, Aluminiumoxid und Silikate. Als feste Trägerstoffe für Granulate kommen in Frage: z.B. gebrochene und fraktionierte natürliche Gesteine wie Calcit, Marmor, Bims, Sepiolith, Dolomit sowie synthetische Granulate aus anorganischen und organischen Mehlen

30

5 sowie Granulate aus organischem Material wie Sägemehl, Kokosnußschalen, Maiskolben und Tabakstengel. Als Emulgier und/oder schaumerzeugende Mittel kommen in Frage: z.B. nichtionogene und anionische Emulgatoren, wie Polyoxyethylen-Fettsäureester, Polyoxyethylen-Fettalkoholether, z.B. Alkylarylpolyglycolether, Alkylsulfonate, Alkylsulfate, Arylsulfonate sowie Eiweißhydrolysate. Als Dispergiermittel kommen in Frage: z.B. Lignin-Sulfitablaugen und Methylcellulose.

10 Es können in den Formulierungen Haftmittel wie Carboxymethylcellulose, natürliche und synthetische pulverige, körnige oder latexförmige Polymere verwendet werden, wie Gummiarabicum, Polyvinylalkohol, Polyvinylacetat, sowie natürliche Phospholipide, wie Kephaline und Lecithine, und synthetische Phospholipide. Weitere Additive können mineralische und vegetabile Öle sein.

15 Es können Farbstoffe wie anorganische Pigmente, z.B. Eisenoxid, Titanoxid, Ferrocyanblau und organische Farbstoffe, wie Alizarin-, Azo- und Metallphthalocyanin-farbstoffe und Spurennährstoffe, wie Salze von Eisen, Mangan, Bor, Kupfer, Kobalt, Molybdän und Zink verwendet werden.

20 Die Formulierungen enthalten im allgemeinen zwischen 0,1 und 95 Gewichtsprozent Wirkstoff, vorzugsweise zwischen 0,5 und 90 %.

25 Die erfindungsgemäßen Wirkstoffe können als solche oder in ihren Formulierungen auch in Mischung mit bekannten Fungiziden, Bakteriziden, Akariziden, Nematiziden oder Insektiziden verwendet werden, um so z.B. das Wirkungsspektrum zu verbreitern oder Resistenzentwicklungen vorzubeugen. In vielen Fällen erhält man dabei synergistische Effekte, d.h. die Wirksamkeit der Mischung ist größer als die Wirksamkeit der Einzelkomponenten.

30 Beim Einsatz der erfindungsgemäßen Verbindungen als Fungizide können die Aufwandmengen je nach Applikation innerhalb größerer Bereiche variiert werden.

Erfindungsgemäß können alle Pflanzen und Pflanzenteile behandelt werden. Unter Pflanzen werden hierbei alle Pflanzen und Pflanzenpopulationen verstanden, wie erwünschte und unerwünschte Wildpflanzen oder Kulturpflanzen (einschließlich natürlich vorkommender Kulturpflanzen). Kulturpflanzen können Pflanzen sein, die durch konventionelle Züchtungs- und Optimierungsmethoden oder durch biotechnologische und gentechnologische Methoden oder Kombinationen dieser Methoden erhalten werden können, einschließlich der transgenen Pflanzen und einschließlich der durch Sortenschutzrechte schützba- ren oder nicht schützba- ren Pflanzensorten. Unter Pflanzenteilen sollen alle oberirdischen und unterirdischen Teile und Organe der Pflanzen, wie Sproß, Blatt, Blüte und Wurzel verstanden werden, wobei beispielhaft Blätter, Nadeln, Stängel, Stämme, Blüten, Fruchtkörper, Früchte und Samen sowie Wurzeln, Knollen und Rhizome aufgeführt werden. Zu den Pflanzenteilen gehört auch Erntegut sowie vegetatives und generatives Vermehrungsmaterial, beispielsweise Stecklinge, Knollen, Rhizome, Ableger und Samen.

Die erfindungsgemäße Behandlung der Pflanzen und Pflanzenteile mit den Wirkstoffen erfolgt direkt oder durch Einwirkung auf deren Umgebung, Lebensraum oder Lagerraum nach den üblichen Behandlungsmethoden, z.B. durch Tauchen, Sprühen, Verdampfen, Vernebeln, Streuen, Aufstreichen und bei Vermehrungsmaterial, insbesondere bei Samen, weiterhin durch ein- oder mehrschichtiges Umhüllen.

Die nachfolgenden Beispiele illustrieren verschiedene Aspekte der vorliegenden Erfindung und sind nicht limitierend auszulegen.

Beispiele

Beispiel 1

5 Klonierung, Expression und Reinigung von *umerg12* bzw. UmErg12 aus *Ustilago maydis*

10 Für die Klonierung von *Umerg12* bzw. dessen Expression wurde der ORF aus genomischer DNA aus *Ustilago maydis* über genspezifische Primer amplifiziert. Die entsprechende DNA, ein Amplikon von 1059 bp Länge, wurde in den Vektor pDON201 von Invitrogen zwischenkloniert und anschließend über Rekombination in den Vektor pDEST15 (Invitrogen) kloniert. Das resultierende Plasmid pDEST15_umerg12 enthält die vollständige kodierende Sequenz von *umerg12* in einer N-terminalen Fusion mit dem GST-Tag, das Bestandteil des Vektors ist. Das
15 UmErg12 Fusionsprotein besitzt eine berechnete Masse von 74,5 kDa.

20 Für die heterologe Expression wurde das Plasmid pDEST15_umerg12 in *E. coli* BL21 (DE3) transformiert. Von den Transformanten wurde eine Vorkultur in 50 ml Selektionsmedium angeimpft. Diese Zellen wurden über Nacht bei 37°C inkubiert und anschließend 1:20 in Selektionsmedium (LB-Medium mit 100 µg/ml Ampicillin) verdünnt. Die Induktion erfolgte bei einer OD_{600nm} von 0,8 mit 0,1 mM IPTG (Endkonzentration) bei 30°C. Nach 3 h Induktion wurden die Zellen geerntet und direkt aufgearbeitet.

25 Der Aufschluss erfolgte durch Sonifizieren in Lysepuffer (100 mM Tris-HCl, pH 8, 5 mM DTT, 5 mM MgCl₂, 0,1 % Triton, 10 µM ATP) nach vorangegangener Lyso-¹zym Behandlung (15 Minuten, 30°C, 1 mg/ml final in Lysepuffer). Die durch Zentrifugation (15 min bei 4°C, 10 000 g) erhaltene Cytoplasmafraktion wurde für die Aufreinigung des exprimierten Proteins verwendet. Nach Filtration durch eine 0,45 µm
30 Nalgene Filtrationseinheit erfolgte die Reinigung nach dem Standardprotokoll des Herstellers für Glutathion-Sepharose Säulen unter Verwendung des folgenden Lauf-

puffers (100 mM Tris/HCl, pH 7,5; 10 μ M ATP, 5 mM $MgCl_2$, 5 mM DTT, 10 % Glycerin). Als Elutionspuffer wurde 50 mM Tris/HCl pH 8,0, 5 mM DTT, 5 mM $MgCl_2$, 10 μ M ATP, 10% Glycerin mit 20 mM reduziertem Glutathion verwendet. Das gereinigte Protein wurde bei $-80^\circ C$ gelagert. Aus 250 ml Kulturmedium konnte etwa 2,5 mg lösliches Protein isoliert werden, das in Verfahren zum Identifizieren von Modulatoren der Mevalonat Kinase verwendet werden konnte.

Beispiel 2

(A) Identifizierung von Modulatoren der Mevalonat Kinase in 384-Well-MTP in einem gekoppelten Assay

Zur Identifizierung von Modulatoren der Mevalonat Kinase wurden 384-Well-Mikrotiterplatten von Greiner verwendet.

In die erste und zweite Spalte wurde die Negativ-Kontrolle pipettiert. Diese setzte sich zusammen aus 5 μ l Lösung1 (5 % DMSO in H_2O), 20 μ l Lösung2 (100 mM Tris/HCl pH 7,5, 15 mM $MgCl_2$, 12,5 mM Glutathion, 0,25 % BSA) und 25 μ l Lösung 3 (100 mM Tris/HCl pH 7,5, 15 mM $MgCl_2$, 20 mM KCl, 0,6 mM ATP, 0,8 mM PEP, 0,6 mM NADH, 20 mM DTT, 0,02 % Tween 20) mit 200 mU Pyruvat Kinase, 400 mU Lactat Dehydrogenase.

In die dritte und vierte Spalte wurde die Positiv-Kontrolle pipettiert. Diese setzte sich zusammen aus 5 μ l Lösung1 (5 % DMSO in H_2O), 20 μ l Lösung4 (100 mM Tris/HCl pH 7,5, 15 mM $MgCl_2$, 12,5 mM Glutathion, 0,25 % BSA, 0,1 μ g Mevalonat Kinase) und 25 μ l Lösung 3 (100 mM Tris/HCl pH 7,5, 15 mM $MgCl_2$, 20 mM KCl, 0,6 mM ATP, 0,8 mM PEP, 0,6 mM NADH, 20 mM DTT, 0,02 % Tween 20) mit 200 mU Pyruvat Kinase, 400 mU Lactat Dehydrogenase.

In die verbleibenden Spalten wurde eine Prüfsubstanz in einer Konzentration von 2 μ M in DMSO vorgelegt, wobei zum Verdünnen der Substanz H_2O verwendet

5 wurde. Nach Zugabe von 20 µl Lösung 4 (100 mM Tris/HCl pH 7,5, 15 mM MgCl₂, 12,5 mM Glutathion, 0,25 % BSA, 0,1 µg Mevalonat Kinase) wurden zum Start der Reaktion 25 µl Lösung 3 (100 mM Tris/HCl pH 7,5, 15 mM MgCl₂, 20 mM KCl, 0,6 mM ATP, 0,8 mM PEP, 0,6 mM NADH, 20 mM DTT, 0,02 % Tween 20) mit 200 mU Pyruvat Kinase und 400 mU Lactat Dehydrogenase zugegeben. Es folgte eine Inkubation bei 25°C für 20 Minuten. Die anschließende Messung erfolgte durch Bestimmung der Absorption bei 340 nm in einem für MTP geeigneten SPECTRA-Fluor Plus von Tecan.

10 Beispiel 3

Nachweis der fungiziden Wirkung der identifizierten Inhibitoren der Mevalonat Kinase

15 In die Kavitäten von Mikrotiterplatten wurde eine methanolische Lösung des anhand eines erfindungsgemäßen Verfahrens identifizierten Wirkstoffs in der gewünschten Menge, versetzt mit einem Emulgator, pipettiert. Nachdem das Lösungsmittel abgedampft war, wurden je Kavität 200 µl Potatoe-Dextrose-Medium hinzugefügt. Das Medium wurde vorher mit geeigneten Konzentrationen von Sporen bzw. Mycelen des zu prüfenden Pilzes versetzt.

20 Die resultierende Konzentration des Emulgators betrug 300 ppm.

25 Die Platten wurden anschließend auf einem Schüttler bei einer Temperatur von 22°C inkubiert, bis in der unbehandelten Kontrolle ein ausreichendes Wachstum feststellbar war. Die Auswertung erfolgte photometrisch bei einer Wellenlänge von 620 nm. Aus den Messdaten der verschiedenen Konzentrationen wird die Wirkstoffdosis, die zu einer 50 %igen Hemmung des Pilzwachstums gegenüber der unbehandelten Kontrolle führt (ED₅₀), berechnet.

Patentansprüche

1. Verfahren zum Identifizieren von Fungiziden, dadurch gekennzeichnet,, dass man

5

- (a) ein Polypeptid mit der enzymatischen Aktivität einer Mevalonat Kinase mit einer chemischen Verbindung oder einem Gemisch von chemischen Verbindungen unter Bedingungen, die die Interaktion der chemischen Verbindung mit dem Polypeptid erlauben, in Kontakt bringt,

10

- (b) die Aktivität der Mevalonat Kinase bei Abwesenheit einer chemischen Verbindung mit der Aktivität der Mevalonat Kinase bei Anwesenheit einer chemischen Verbindung oder eines Gemisches von chemischen Verbindungen vergleicht, und

15

- (c) die chemische Verbindung, die die Mevalonat Kinase spezifisch inhibiert, auswählt.

20

2. Verfahren gemäß Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass man

- (a) das bei der Reaktion der Mevalonat Kinase entstehende ADP mit Hilfe einer Pyruvatkinase zu ATP umsetzt,

25

- (b) das dabei entstehende Pyruvat mit Hilfe einer Lactatdehydrogenase unter NADH-Verbrauch zu Laktat umsetzt, und

- (c) den Verbrauch des NADHs anhand einer Absorptionsänderung verfolgt.

30

3. Verfahren gemäß Anspruch 2, dadurch gekennzeichnet, dass man eine Hemmung der enzymatischen Aktivität anhand einer geringeren Zunahme der ADP-Konzentration bestimmt.
- 5 4. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass man in einem weiteren Schritt die fungizide Wirkung der identifizierten Verbindung testet, indem man sie mit einem Pilz in Kontakt bringt.
- 10 5. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass man eine Mevalonat Kinase aus einem Pilz verwendet.
6. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 1 bis 5, dadurch gekennzeichnet, dass man eine Mavalonat Kinase aus einem pflanzenpathogenen Pilz verwendet.
- 15 7. Verwendung von Polypeptiden mit der Aktivität einer Mevalonat Kinase zum Identifizieren von Fungiziden.
8. Verwendung von Inhibitoren von Polypeptiden mit der Aktivität einer Mevalonat Kinase als Fungizide.
- 20 9. Verwendung von Inhibitoren eines Polypeptids mit der Aktivität einer Mevalonat Kinase, welche durch ein Verfahren gemäß einem der Ansprüche 1 bis 4 identifiziert werden, als Fungizide.
- 25 10. Verwendung von fungiziden Verbindungen, die in einem Verfahren gemäß einem der Ansprüche 1 bis 5 gefunden werden, zum Herstellen von fungiziden Mitteln.
- 30 11. Nukleinsäure, kodierend für ein Polypeptid mit der biologischen Aktivität einer Mevalonat Kinase, dadurch gekennzeichnet, dass sie für eine Mevalonat Kinase aus *U. maydis* kodiert.

12. Nukleinsäuren aus pflanzenpathogenen Pilzen, dadurch gekennzeichnet, dass sie eine Sequenz umfassen, die ausgewählt ist aus:

5

a) einer Sequenz gemäß SEQ ID NO: 1,

b) Sequenzen, die für ein Polypeptid kodieren, welches die Aminosäuresequenz gemäß SEQ ID NO: 2 umfasst,

10

c) Sequenzen, welche eine zumindest 90 %ige Identität mit den unter a) und b) definierten Sequenzen aufweisen und für das Sequenzmotiv [LIVM]-[PK]-x-[GSTA]-x(0,1)-G-[LM]-[GS]-S-S-[GSA]-[GSTAC] kodieren,

15

d) Sequenzen, welche zu den unter a) bis c) definierten Sequenzen komplementär sind, und

e) Sequenzen, welche aufgrund der Degeneriertheit des genetischen Codes für dieselbe Aminosäuresequenz kodieren wie die unter a) und b) definierten Sequenzen.

20

13. DNA-Konstrukt umfassend eine Nukleinsäure gemäß Anspruch 11 oder 12 und einen heterologen Promotor.

25

14. Vektor umfassend eine Nukleinsäure gemäß Anspruch 11 oder 12, oder ein DNA-Konstrukt gemäß Anspruch 13.

15. Vektor gemäß Anspruch 14, dadurch gekennzeichnet, dass die Nukleinsäure funktionell mit regulatorischen Sequenzen verknüpft ist, die die Expression der Nukleinsäure in pro- oder eukaryotischen Zellen gewährleisten.

30

16. Wirtszelle enthaltend eine Nukleinsäure gemäß Anspruch 11 oder 12, ein DNA-Konstrukt gemäß Anspruch 13 oder einen Vektor gemäß Anspruch 14 oder 15.
- 5 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, dass es sich um eine prokaryotische oder eukaryotische Zelle handelt.
18. Polypeptid mit der biologischen Aktivität einer Mevalonat Kinase, welches von einer Nukleinsäure gemäß Anspruch 11 oder 12 kodiert wird.
- 10 19. Polypeptid mit der biologischen Aktivität einer Mevalonat Kinase, welches eine Aminosäuresequenz gemäß SEQ ID NO: 2 umfasst.

Polypeptide zum Identifizieren von fungizid wirksamen Verbindungen

Z u s a m m e n f a s s u n g

Die Erfindung bezieht sich auf ein Verfahren zum Identifizieren von Fungiziden, die Verwendung von Mevalonat Kinase zum Identifizieren von Fungiziden, und die Verwendung von Inhibitoren der Mevalonat Kinase als Fungizide.

- 1/5 -

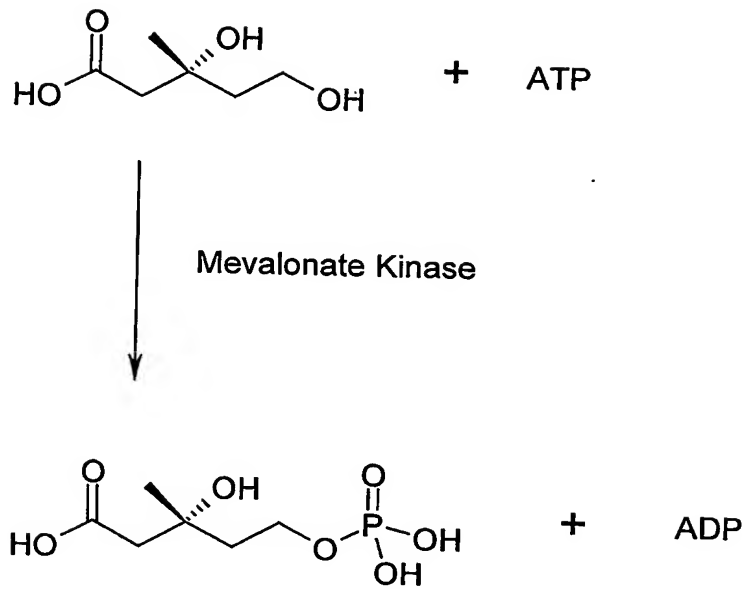


Abbildung 1

1 -----
 1 ----- S cerevisiae
 1 ----- S pombe
 1 MAEQEHNGVNGFHSESEQRNQPVNGDASEAVNGNPSNGLRVTTIEESASSA U maydis
 1 ----- N crassa
 1 ----- M grisea partially
 1 -----MSLPFLTSAFGKVIIFGEHSAVYNK S cerevisiae
 1 -----MSKSLIVSSPGKTIIFGEHAVVYGA S pombe
 1 ---MNRARLETRGGEGERPSAQDHPFSSVVVSAPGKVIIFGEHAVVHGI U maydis
 51 VNGGSPTNSMLTPIRQRMERKKSSPMMPTFMVSAPGKVIIFGEHAVVHKG N crassa
 1 ----- M grisea partially
 26 PAVAAVSVALRTYLLISESS-APDTIEIDFDPISFNHKKWSINDFNAITED S cerevisiae
 26 TALAAAVS-LRSYCKLQTTN--NNEIVIVMSDITGERRWNLSLFWQHVT S pombe
 48 TAVAAVA-LRCYANVSPRE--DGKISTDLPLGVITWNTADLPWSAVP U maydis
 101 AAIAAAIS-LRSYLLVNTLSKSKRTVTIKFPDIDFNHNSWNIDELPWKIFQ N crassa
 1 -AVAAAIN-LRSYLLVTALSLSKRTITITREFPDIDLIHTWNTDLPWSTFS M grisea partially
 75 QVNSQKLAKAQOATDGLSQETVSLLDPLIAQLS--ES-----FHYHAAFC S cerevisiae
 73 VENVQHPASSPNL-----DILQGLGEILKNEE--NG-----LIHSAMLC S pombe
 95 -KSIQGGGAVPDS---LDKTLIGAIEKVVGDTVNESE-----RSHAASIA U maydis
 150 QPGKKKYYYSLVT--EIDQELVDAVQPFADVSIDKPADIRKVHONSAGS N crassa
 49 QPSKKKYYYDLVT--SLDPDLMDAIQPHLEPVSSDAPDAQRKVHMSAAAA M grisea partially
 118 FLYMEVCLCPHAKN--IKFSIKSTLPIGAGLGSSASTSVSTALAMAYLGG S cerevisiae
 110 TLYLETSLSPPSQG--CTLTISSQVPIGAGLGSSATISVVVATSLLAFG S pombe
 136 FLYLMCIAGQADARAQAFVIRSAIPGAGLGSSAALSSCIAAALTILYG U maydis
 198 FLYMELSLIGSQSFP-GCOYTLRSTIPIGAGLGSSATIAVCLSAALLQLR N crassa
 97 FLYLEMSLIGSHAFP-GGIYTLRSTIPIGAGLGSSASTISACLSAALLQLR M grisea partially
 166 LIGSNDLEKLSNDK---HIVNQAHEIGEKCIGHGTPSGIDNAVATYGNAL S cerevisiae
 158 NIEPSSNSLQNNKA--LALTEAWSELGECCHGTPSGIDNAVATNGGLI S pombe
 186 RIPAEGSSELSAEHST---HINWAELSEKVIHGTTPSGVDNTVAVHGGAI U maydis
 247 TLSGEHPDQPPEEARLOIERINRWAEVYEMFIHGNPSGVDNTVSTQKAV N crassa
 146 TLSGEHPDQPPEARVQVERINRWAEVAEMCIHGNPSGVDNTVSTQKAV M grisea partially
 213 LEEKDSHNGTINTNNFKFDDEPAIPMILTYTRIPRSTDLVARMRVIVT S cerevisiae
 206 AERKATAH---QSAMKEFKPKDTLSVMITDTKQPKSTKKLVQGVFEIK- S pombe
 232 AETRAHPSNTLTANKMNLKGESSFRLLVLSVGVREGKLIHVAQAOK- U maydis
 297 VFQRTDYN---QPPSVREIWDPEPKLPLLVDTRTAKSTAHEVAKVATIK- N crassa
 196 VFQRLDYA---RPPVVTPMWDEPELPLLVDIKQAKSTHYEVEKVAKIR- M grisea partially
 263 EKFEEVMKFIIDAMGECALQGLEIMIKLSKCKGTDEAVEITNNELYEQLL S cerevisiae
 252 ERLFTVIDSTIDAIDGSKSAVLALISE-----SDKNSS---AKKLG S pombe
 281 ESEETRVNAATARIQTIADSAQLVLIGN-----SGLSRSEQ---VAQLR U maydis
 343 KKHEQLVGTIITAIQVTQSSAQLIEEQ---GFNTEDEES---LSKVG N crassa
 242 ETHEKIVNSIIDSMCKLTQAATDVLIDE---DFDNEDVES---LQKVG M grisea partially
 313 ELIRINHGLLVSTGVSHPGLELIKNISSDDLRI--STKLTGAGGGGCSIT S cerevisiae
 291 EFIVIAQKLIQCLGVSHYSIDRV--LQATKSIG--WTKLTGAGGGGCTIT S pombe
 322 ELIKONHSELVGLVSHASLELIKNTESFAPDQLATKLTGAGGGGCAVT U maydis
 385 EMMTINHGLLVSLGVSHPRLERVREIVDHEGIG--WTKLTGAGGGGCSIT N crassa
 284 ELMGMNHGLLVSLGVSHPRLERVREIVDHEGIG--WTKLTGAGGGGCSIT M grisea partially

```

361 LIRRDITQEQIDSFKKKIQDDFSYETFETDLGGTGCCLLSAKNLNKDLKI S cerevisiae
337 LITPECKEKEEFKLCKESILAHK-NSIYDVQLGGPGVSVVTDSDS----- S pombe
372 LIPDDFEEKVKELMSEIENAG-FKCYETRVGGDGFVGKLLQDEQE---- U maydis
433 LIRPGVPREKLDKLEQRIDEEG-YSKFETTIGSDGVGLWPAVLKNGMDE N crassa
332 LMRPDVPREKLERLKERIDHE M grisea partially

411 KS-----LVFQLFENKTTTKQQIDDLLLPGNTNLPWTS S cerevisiae
380 -----FFPQYESDFEKKLNLLSKFNKYII S pombe
417 --E-----AEAKLRFKEANVSNELAVWADELAGWVFA. U maydis
482 DEEGGMEIDLEKFLSADSNEALEKLVGVHGDGREREGWKFWRVENRD N crassa
352 M grisea partially

```

Abbildung 2

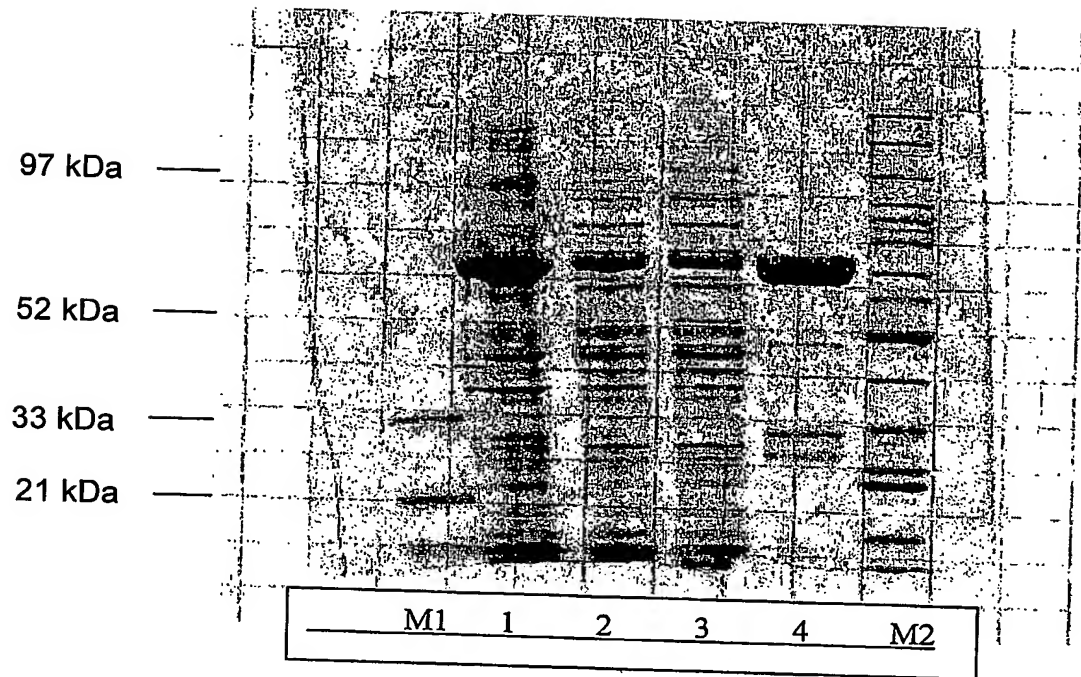


Abbildung 3

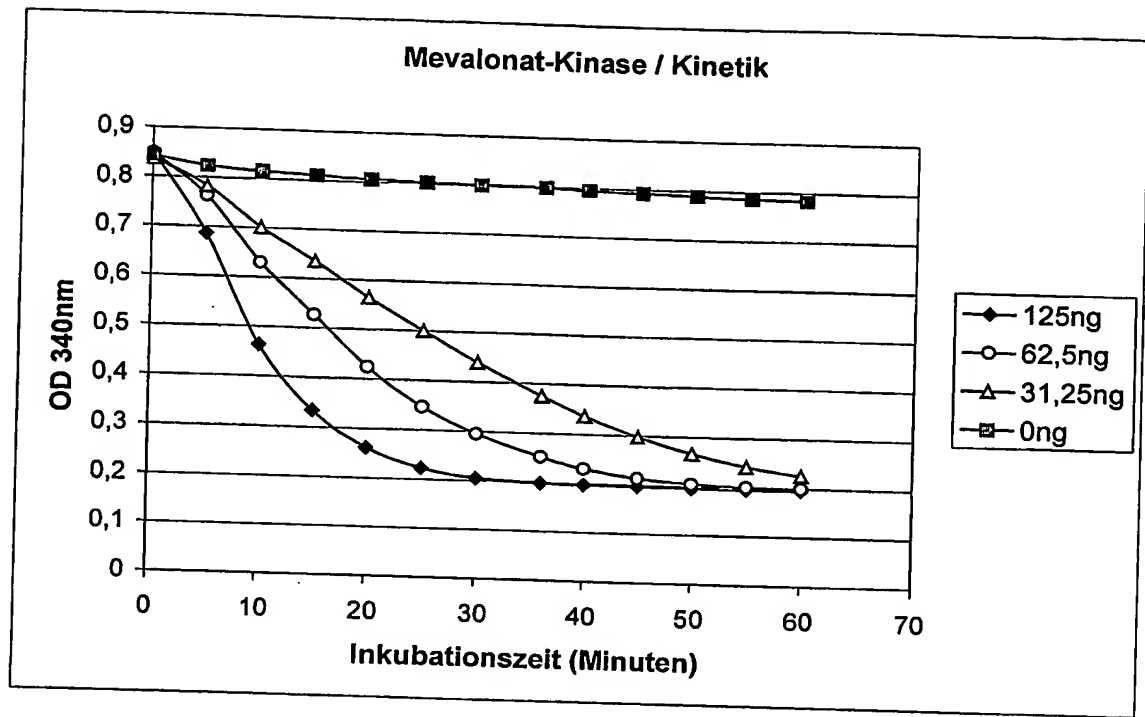


Abbildung 4

SEQUENCE LISTING

<110> Bayer CropScience AG

<120> Verfahren zum Identifizieren von fungizid wirksamen Verbindungen
basierend auf Mevalonat Kinasen aus Pilzen

<130> BCS 03-3035

<160> 2

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 1341

<212> DNA

<213> Ustilago maydis

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1341)

<223>

<400> 1

atg aac cgt gca agg ctc gag acc cgc ggc ggt gaa ggg gaa cct cgc	48
Met Asn Arg Ala Arg Leu Glu Thr Arg Gly Gly Glu Gly Glu Pro Arg	
1 5 10 15	
tcg gct cag gat cac ccg ccg ccg tcg tcg gtg gtt gtc agt gcg cct	96
Ser Ala Gln Asp His Pro Pro Pro Ser Ser Val Val Val Ser Ala Pro	
20 25 30	
ggc aag gtg atc ctt ttc ggt gag cac gca gtg gtg cat ggt att act	144
Gly Lys Val Ile Leu Phe Gly Glu His Ala Val Val His Gly Ile Thr	
35 40 45	
gct gtc gcc gcc tcg gtg gcg ctg cga tgc tac gct aac gta tcg cca	192
Ala Val Ala Ala Ser Val Ala Leu Arg Cys Tyr Ala Asn Val Ser Pro	
50 55 60	
cga gag gat ggc aag att tcg ctc gat ttg cct gat ctc ggc gtg atc	240
Arg Glu Asp Gly Lys Ile Ser Leu Asp Leu Pro Asp Leu Gly Val Ile	
65 70 75 80	
cac act tgg aac atc gcc gat ctt cct tgg tct gct gtg cct aaa tcc	288
His Thr Trp Asn Ile Ala Asp Leu Pro Trp Ser Ala Val Pro Lys Ser	
85 90 95	
att caa ggt ggt ggc gcc gta cct gac tcg ctc gac aag acg ctt att	336
Ile Gln Gly Gly Gly Ala Val Pro Asp Ser Leu Asp Lys Thr Leu Ile	
100 105 110	

ggc gcc atc gaa aag gtg gtg ggc gac acg gtc aac gag agc gaa aga Gly Ala Ile Glu Lys Val Val Gly Asp Thr Val Asn Glu Ser Glu Arg 115 120 125	384
agc cat gct gct tcg atc gcc ttt ctg gtg ctt tac atg tgc atc gcc Ser His Ala Ala Ser Ile Ala Phe Leu Val Leu Tyr Met Cys Ile Ala 130 135 140	432
ggt cag gct gat gcg cgc gct cag gca ttt gtg ctg cgt tcg gct ctg Gly Gln Ala Asp Ala Arg Ala Gln Ala Phe Val Leu Arg Ser Ala Leu 145 150 155 160	480
ccc atc ggt gca gga ctc ggc tca agc gcc gcg ctc agc tcg tgc ctc Pro Ile Gly Ala Gly Leu Gly Ser Ser Ala Ala Leu Ser Ser Cys Leu 165 170 175	528
gct gcg gcg ctc acc atc ctc tat ggt cgc att ccc gct ccg ggc agc Ala Ala Ala Leu Thr Ile Leu Tyr Gly Arg Ile Pro Ala Pro Gly Ser 180 185 190	576
gaa ctg tca gct gag cac tcg aca cac atc aac gaa tgg gcc ttt ttg Glu Leu Ser Ala Glu His Ser Thr His Ile Asn Glu Trp Ala Phe Leu 195 200 205	624
tct gaa aag gta att cac ggc acc ccc tcg ggt gtt gac aac acg gtg Ser Glu Lys Val Ile His Gly Thr Pro Ser Gly Val Asp Asn Thr Val 210 215 220	672
gct gtt cat ggc gga gcg atc gct ttc act cgt gct cac cca agc aac Ala Val His Gly Gly Ala Ile Ala Phe Thr Arg Ala His Pro Ser Asn 225 230 235 240	720
acg ctc aca gcc aac aag atg aac aag ctc aaa ggc ttc tct tcg ttc Thr Leu Thr Ala Asn Lys Met Asn Lys Leu Lys Gly Phe Ser Ser Phe 245 250 255	768
cgt ttc ctc ctc gtc gac agc tgc gtc ggc cgc gag ggc aag aag ctg Arg Phe Leu Leu Val Asp Ser Cys Val Gly Arg Glu Gly Lys Lys Leu 260 265 270	816
atc gct cac gtt gca gct cag aag gaa tcc gag ccg act cgt gtc aat Ile Ala His Val Ala Ala Gln Lys Glu Ser Glu Pro Thr Arg Val Asn 275 280 285	864
gcg gct ctc gct cga atc cag acg atc gcc gat tcg gcc cag ctc gtg Ala Ala Leu Ala Arg Ile Gln Thr Ile Ala Asp Ser Ala Gln Leu Val 290 295 300	912
ctc act ggc aac tcg ggt ctc tct cgc tcc gag caa gtt gca cag ctt Leu Thr Gly Asn Ser Gly Leu Ser Arg Ser Glu Gln Val Ala Gln Leu 305 310 315 320	960
gcg gaa ctg atc aag cag aac cat agc gaa ctt gtt ggg ctc gag gta Arg Glu Leu Ile Lys Gln Asn His Ser Glu Leu Val Gly Leu Glu Val 325 330 335	1008
tcg cac gct tcg ctg gag ttg atc aag aac aag acc gag tcg ttt gca Ser His Ala Ser Leu Glu Leu Ile Lys Asn Lys Thr Glu Ser Phe Ala 340 345 350	1056

ccc gat cag ctg gct act aag ctc aca ggt gcc gga gga gga gga tgt 1104
 Pro Asp Gln Leu Ala Thr Lys Leu Thr Gly Ala Gly Gly Gly Gly Cys
 355 360 365

gca gtt aca ctg ctg ccg gac gac ttt gag gag gag aag gtg aag gag 1152
 Ala Val Thr Leu Leu Pro Asp Asp Phe Glu Glu Glu Lys Val Lys Glu
 370 375 380

ctg atg agc gag ctg gag aat gct ggc ttt aag tgc tac gag acc aga 1200
 Leu Met Ser Glu Leu Glu Asn Ala Gly Phe Lys Cys Tyr Glu Thr Arg
 385 390 395 400

gtg gga ggt gac ggc ttc ggc gtc aag ctt ctg cag gac gaa cag gag 1248
 Val Gly Gly Asp Gly Phe Gly Val Lys Leu Leu Gln Asp Glu Gln Glu
 405 410 415

gag gcc gag gcc aag ctg cga ttc aag gaa gcc aac gtg agc aac gag 1296
 Glu Ala Glu Ala Lys Leu Arg Phe Lys Glu Ala Asn Val Ser Asn Glu
 420 425 430

ctg gct gtg tgg gct gat gag ctt gct ggt tgg gta ttt gcc tga 1341
 Leu Ala Val Trp Ala Asp Glu Leu Ala Gly Trp Val Phe Ala
 435 440 445

<210> 2

<211> 446

<212> PRT

<213> Ustilago maydis

<400> 2

Met Asn Arg Ala Arg Leu Glu Thr Arg Gly Gly Glu Gly Glu Pro Arg
 1 5 10 15

Ser Ala Gln Asp His Pro Pro Pro Ser Ser Val Val Val Ser Ala Pro
 20 25 30

Gly Lys Val Ile Leu Phe Gly Glu His Ala Val Val His Gly Ile Thr
 35 40 45

Ala Val Ala Ala Ser Val Ala Leu Arg Cys Tyr Ala Asn Val Ser Pro
 50 55 60

Arg Glu Asp Gly Lys Ile Ser Leu Asp Leu Pro Asp Leu Gly Val Ile
 65 70 75 80

His Thr Trp Asn Ile Ala Asp Leu Pro Trp Ser Ala Val Pro Lys Ser
 85 90 95

BCS 03-3035.

Ile Gln Gly Gly Gly Ala Val Pro Asp Ser Leu Asp Lys Thr Leu Ile
100 105 110

Gly Ala Ile Glu Lys Val Val Gly Asp Thr Val Asn Glu Ser Glu Arg
115 120 125

Ser His Ala Ala Ser Ile Ala Phe Leu Val Leu Tyr Met Cys Ile Ala
130 135 140

Gly Gln Ala Asp Ala Arg Ala Gln Ala Phe Val Leu Arg Ser Ala Leu
145 150 155 160

Pro Ile Gly Ala Gly Leu Gly Ser Ser Ala Ala Leu Ser Ser Cys Leu
165 170 175

Ala Ala Ala Leu Thr Ile Leu Tyr Gly Arg Ile Pro Ala Pro Gly Ser
180 185 190

Glu Leu Ser Ala Glu His Ser Thr His Ile Asn Glu Trp Ala Phe Leu
195 200 205

Ser Glu Lys Val Ile His Gly Thr Pro Ser Gly Val Asp Asn Thr Val
210 215 220

Ala Val His Gly Gly Ala Ile Ala Phe Thr Arg Ala His Pro Ser Asn
225 230 235 240

Thr Leu Thr Ala Asn Lys Met Asn Lys Leu Lys Gly Phe Ser Ser Phe
245 250 255

Arg Phe Leu Leu Val Asp Ser Cys Val Gly Arg Glu Gly Lys Lys Leu
260 265 270

Ile Ala His Val Ala Ala Gln Lys Glu Ser Glu Pro Thr Arg Val Asn
275 280 285

Ala Ala Leu Ala Arg Ile Gln Thr Ile Ala Asp Ser Ala Gln Leu Val
290 295 300

Leu Thr Gly Asn Ser Gly Leu Ser Arg Ser Glu Gln Val Ala Gln Leu
305 310 315 320

Arg Glu Leu Ile Lys Gln Asn His Ser Glu Leu Val Gly Leu Glu Val
325 330 335

BCS 03-3035

Ser His Ala Ser Leu Glu Leu Ile Lys Asn Lys Thr Glu Ser Phe Ala
340 345 350

Pro Asp Gln Leu Ala Thr Lys Leu Thr Gly Ala Gly Gly Gly Cys
355 360 365

Ala Val Thr Leu Leu Pro Asp Asp Phe Glu Glu Glu Lys Val Lys Glu
370 375 380

Leu Met Ser Glu Leu Glu Asn Ala Gly Phe Lys Cys Tyr Glu Thr Arg
385 390 395 400

Val Gly Gly Asp Gly Phe Gly Val Lys Leu Leu Gln Asp Glu Gln Glu
405 410 415

Glu Ala Glu Ala Lys Leu Arg Phe Lys Glu Ala Asn Val Ser Asn Glu
420 425 430

Leu Ala Val Trp Ala Asp Glu Leu Ala Gly Trp Val Phe Ala
435 440 445